**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em
linhagens nacionais de frango caipira**

Gregori Alberto Rovadoski

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Ciência
Animal e Pastagens

**Piracicaba
2013**

Gregori Alberto Rovadoski
Zootecnista

**Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens
nacionais de frango caipira**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Ciências. Área de concentração: Ciência
Animal e Pastagens

**Piracicaba
2013**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP

Rovadoscki, Gregori Alberto

Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango Caipira / Gregori Alberto Rovadoscki. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2013.
108 p: il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Curvas de crescimento 2. Componentes de variância 3. Crescimento animal
4. Frangos 5. Heteroscedasticidade 6. Mínimos quadrados 7. Modelos não lineares
8. Polinômios de Legendre I. Título

CDD 636.513
R873m

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Aos meus pais, Dalci (*in memoriam*) e Carmen,

à minha irmã, Suzana,

nos quais muitas vezes busquei a força

que precisava para continuar minha jornada,

além de todo o amor e carinho

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho.

Ao Prof. Savino e Prof. Coelho, pela confiança e disponibilização de toda estrutura e apoio necessários para a realização e coleta de dados deste experimento.

Ao Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, por toda a paciência, amizade, companheirismo e dedicação.

A Profa. Dra. Rachel Bueno e Profa. Dra. Leila de Genova Gaya que muito colaboraram na idealização deste trabalho.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus estimados colegas de trabalho: Ana Luísa da Costa, Mary Ana Petersen, Simone Pertile, João Vitor Teodoro, Marcos Vaz Braz, Lucas Pecci, Mayara Salvian, Aline Zampar, Fabiane Silva, Johanna Ramirez, Juliana Petrini (Rubi), Gilson Silvério da Rocha, Tiago Almeida de Oliveira, Gerson Oliveira Jr., Tatiane Mendes Zullini, Laíza Iunge e Amanda Abdo Pereira, pela amizade, convivência e ajuda em todas as etapas deste trabalho.

Aos amigos de República, pelo companheirismo e solidariedade: José Pedro Botezelli (2KXA), Murilo Trevisan (Óia), Murilo Garret (B2), Henrique Garcia Castro, Jonas Souza e Jandir Cruz.

Aos “Monxtros” Carlos Eduardo Oltramari (Dudu), Gustavo Nápoles, Fábio Pértile e Renato Biro Prioli pelas conversas e parceria. E principalmente, ao Biro e Fábio pela jornada de 21 horas seguidas pesando frango.

Aos funcionários de campo do Departamento de Genética: Edvaldo, Edmilson, Sidnei, Noir, Henrique, Paulinho e Luciano por toda a ajuda e dedicação para a realização deste estudo.

Aos prezados amigos que ficaram horas pesando frangos comigo, disponibilizando uma caroninha básica e confeccionado anilhas, ou que de alguma forma contribuíram, e que mesmo assim continuaram meus amigos: Jackeline Thais da Silva, Marília Ribeiro de Paula, Mariana Gallo (Cocó), Kuang Hongyu, Ligía Uribe, Letícia de Abreu Faria (Eva), Jonas Souza, Fernanda Batistel, Fernanda Moura, Murilo Trevisan (Óia), Fausto Andrés Ortiz, Elizabeth

Hashimoto, Henrique Castro (Gnt Inocent), Alessandra Santos, Marcos Vaz Braz, Leonardo Willian, Tito Nunes Rodrigues, Igor Sokoloski, Mariana Cursi, Marta Borsato, Andres , Juliana Mandro, Verônica Olazar, Iuri Ferreira, Carla (Goretti) Marassatto, Fabiana Garcia (Ariadina), Alessandra Santos, Gerson de Oliveira Jr., Marlene Salvian, Flávia Martins Bispo, Verónica Rondinel, Gustavo Gasparin, Luciana Barreto Mourão, Minos Esperandio Carvalho e Fabiana Barichello Mokry.

Ao meu estimado primo e irmão Diego Campiol pela amizade, companheirismo e caronas.

Ao meu cunhado Elias Cassol, tanto pelo apoio e ajuda financeira em períodos importantes da minha vida, o meu muito obrigado.

Àqueles que aqui não foram citados, mas contribuíram de maneira direta ou indireta para a realização deste trabalho, meus mais sinceros agradecimentos.

EPÍGRAFE

"Há homens que lutam um dia e são bons.
Há outros que lutam um ano e são melhores.
Há os que lutam muitos anos e são muito bons.
Porém, há os que lutam toda a vida.
Esses são os imprescindíveis."

Bertold Brecht

SUMARIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
1 INTRODUÇÃO	15
2 HIPÓTESES.....	17
3 OBJETIVOS	19
4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	21
4.1 Origem das Aves.....	21
4.2 Melhoramento Genético de Aves	22
4.3 Frango caipira	31
4.4 Crescimento	33
4.5 Modelos Não Lineares	34
4.6 Modelos não lineares para curvas de crescimento	35
4.7 Modelos de Regressão Aleatória	37
4.8 Avaliação do Ajuste dos Modelos.....	40
Referências	40
5 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CURVAS DE CRESCIMENTO EM LINHAGENS DE FRANGO CAIPIRA.....	49
Resumo.....	49
Abstract.....	49
5.1 Introdução	50
5.2 Material e Métodos.....	51
5.3 Resultados e Discussão.....	62
5.4 Conclusões.....	81
Referências	81
6 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM LINHAGENS DE FRANGO CAIPIRAS SOB MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA	85
Resumo	85
Abstract.....	85
6.1 Introdução	86
6.2 Material e Métodos.....	87
6.3 Resultados e Discussões	93

6.4 Conclusões	104
Referências	105

RESUMO

Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango Caipira

A avicultura é uma das principais atividades agropecuárias do Brasil, em 2011 o país produziu 12.230 toneladas de carne de frango, sendo o 3º maior produtor de frango do mundo, apenas atrás dos EUA e China. Parte deste êxito se deve principalmente ao melhoramento genético animal implantado nas últimas décadas. Os objetivos nesse estudo foram: 1º - Comparar as funções das curvas de crescimento: von Bertalanffy, Gompertz, Logística, Richards e Brody, pelo método dos Mínimos Quadrados Ordinários (QMO) e Quadrados Mínimos Ponderados (QMP) a dados de peso vivo para as linhagens experimentais de frango caipira (7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado) e selecionar uma curva de crescimento que melhor descreva o padrão de crescimento para cada linhagem, e estimar os componentes genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) dos parâmetros destas funções sob análise bicaracterística; 2º - Comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com variância residual heterogênea, para a estimação dos componentes de (co) variância e avaliação genética de linhagens experimentais de frango caipira (7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado). O modelo que melhor se adequou a curva de crescimento para as linhagens estudadas foi à função de Gompertz ajustado pelo método dos Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*). Os parâmetros genéticos estimados para as medidas A e k dos modelos Gompertz ponderado podem ser utilizados como critérios de seleção, pois parecem ter efeito genético considerável para estas características. No entanto, deve-se haver cautela na utilização do parâmetro A como critério de seleção para a linhagem Carijó Barbado devido a baixa herdabilidade. As correlações genéticas e fenotípicas entre as características A e k foram negativas e altas. Indicando que quanto maior o peso assintótico menor a taxa de crescimento. Dentre os modelos de Regressão Aleatória estudados o polinômio de 3ª ordem foi o que melhor se adequou para descrever as curvas de crescimento das linhagens estudadas. As estimativas de variâncias, herdabilidades foram afetadas pela modelagem da variância residual. Em geral as herdabilidades estimadas para as idades de 1 a 84 dias variaram de moderadas a altas para as linhagens estudadas, indicando que qualquer idade pode ser utilizada como critério de seleção. A seleção aos 42 dias de idade pode ser mantida como critério de seleção.

Palavras-chave: Componentes de variância; Crescimento; Heterogeneidade de variância; Linhagens de frangos caipiras; Modelos não lineares; Polinômios de Legendre

ABSTRACT

Models of growth curves and random regression lines in national free-range chickens

Aviculture is one of the main agribusiness activities in Brazil, in 2011 the country produced 12,230 tons of broiler meat, was the 3rd largest producer of broiler in the world, only behind the USA and China. Part of this success is mainly due to animal genetic improvement implemented in recent decades. In this study, our objectives were: 1 – to compare the functions of the Von Bertalanffy, Gompertz, Logistic, Richards and Brody growth curves by the Ordinary Least Squares and Weighted Least Squares method, from data for body weight from experimental free-range chicken lines (7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ and Carijó Barbado) and select a growth curve that best describes their growth. From this, estimates of the genetic components (heritability and genetic correlations) of the parameters of these functions under bivariate analysis; 2 - Comparing models with different orders of adjustment by means of Legendre polynomial functions under random regression models with heterogeneous residual variance for the estimation of (co) variance and genetic evaluation of experimental free-range chicken lines (7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ and Carijó Barbado). The model that best adapted the growth curve for all lines studied was the Gompertz function adjusted using weighted least squares. Genetic parameters for measurements A and k can be used as selection criteria because they seem to have considerable genetic effects for these characteristics. There should be caution in using the parameter A as a selection criterion for the Carijó Barbado line due to low heritability. The genetic and phenotypic correlations between traits A and k were negative and high, indicating that the higher the asymptotic weight, the lower the growth rate. Among the Random Regression models studied the 3rd order polynomial was best adapted to describe the growth curves of the lines studied. Estimates of variances and heritabilities were affected by residual variance modeling. Overall heritability estimates between 1 to 84 days of age ranged from moderate to high for all lines, indicating that any age can be used as a selection criterion, including maintaining the current selection at 42 days of age.

Keywords: Free-range chickens lines; Growth; Heterogeneity of variance; Legendre polynomials; Nonlinear models; Variance components

1 INTRODUÇÃO

A avicultura é uma das principais atividades agropecuárias do Brasil, em 2011 o país produziu 12.230 toneladas, sendo o 3º maior produtor de frango do mundo, precedido por EUA e China (UNIÃO BRASILEIRA DE AVICULTURA - UBA, 2012).

Grande parte deste êxito se deve principalmente ao melhoramento genético animal implantado nas últimas décadas. As aves destinadas à produção de carne foram selecionadas principalmente para características de desempenho e rendimento de carcaça, o que proporcionou avanços na taxa de crescimento dos indivíduos (GAYA et al., 2006).

A intensa seleção para características de alto desempenho parece, no entanto, ter provocado distúrbios na qualidade da carne destas aves, incluindo até a presença do fenômeno PSE, tornando-a pálida, flácida e exsudativa com alterações relacionadas à qualidade de carne como sabor, cor, capacidade de retenção de água e textura (SMITH; NORTHCUTT, 2009); fatores que levam à rejeição da carne de frango pelo consumidor (LARA et al., 2002), pois para estes, a cor está relacionada à qualidade da carne (FLETCHER, 1999).

Em sentido à busca por produtos menos agressivos ao meio ambiente e que privilegiem o bem estar animal, nos últimos anos o interesse dos consumidores por carne de frango criados sobre sistemas alternativos tem aumentado em todo o mundo (CASTELLINI et al., 2002; FANATICO et al., 2006; WANG et al., 2009).

No Brasil, as aves alternativas, em alguns casos conhecidas por caipira (região Sudeste), colonial (região Sul) ou capoeira (região Nordeste), têm a carne com características sensoriais diferenciadas daquelas aves criadas em confinamento industrial, com tecido mais escuro e textura mais consistente, sabor acentuado e menor teor de gordura na carcaça (TAKAHASHI et al., 2006), em parte por estas aves serem abatidas aos 85 dias de idade com peso médio de 2,6 kg (COELHO et al., 2008).

A preferência dos consumidores por estes produtos está relacionada a uma percepção de qualidade e segurança provenientes destes sistemas, embora havendo pouca evidência científica que suporte essas percepções (PONTE et al., 2008). Apesar do grande potencial do mercado de frango caipira, são escassos

os trabalhos relacionados ao melhoramento genético destas aves. Para que a produção de frangos caipira torne-se viável é imprescindível o uso de linhagens com potencial de crescimento específico para a atividade, que atendam as expectativas do mercado consumidor. Para que isso ocorra, é necessário intensificar os processos de identificação dos genótipos superiores por meio de programas de melhoramento animal (GAYA; FERRAZ, 2006). Para o programa de melhoramento genético animal ser efetivo, os critérios de seleção devem ser determinados. Ou seja, são necessárias informações confiáveis acerca dos parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) associados às características de interesse envolvidas (VAYEGO et al., 2008).

A avaliação de peso, em diferentes idades, são características amplamente utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento animal (MEYER, 2000; GAYA et al., 2006; SILVA et al., 2011). Estas são características que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal são também conhecidas como medidas repetidas ou dados longitudinais.

Desta forma os objetivos deste estudo foram: comparar modelos não lineares, ponderados e não ponderados, ao estudo de curvas de crescimento de linhagens de frango caipiras e determinar a função mais adequada bem como estimar os parâmetros genéticos dos parâmetros do modelo; estimar os componentes de variância, coeficiente de herdabilidade e comparar modelos de diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, e predizer o melhor modelo.

2 HIPÓTESES

- a) É possível caracterizar as linhagens caipiras quanto às características de crescimento com vistas à definição de estratégias e o desenvolvimento do programa de melhoramento destas linhagens;
- b) Existem diferenças entre as funções não lineares utilizadas para descrever as curvas de crescimento
- c) Existem diferenças entre as ordens dos polinômios ajustados para as regressões aleatórias.

3 OBJETIVOS

- a) Comparar as funções das curvas de crescimento: Von Bertalanffy, Gompertz, Logística, Richards e Brody, pelo método dos Mínimos Quadrados Ordinários (QMO) e Quadrados Mínimos Ponderados (QMP) a dados de peso vivo das linhagens experimentais de frango caipira (7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado)
- b) Selecionar a curva de crescimento que melhor descreva o padrão de crescimento, e estimar os componentes genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) associados aos parâmetros destas funções sob análises bicaracterística;
- c) Comparar modelos de regressão aleatória com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, com variância residual heterogênea, para a estimação dos componentes de (co) variância e avaliação genética de linhagens de frango caipira.

4 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

4.1 Origem das Aves

As aves descendem dos répteis, sendo seu ancestral mais antigo o dinossauro terópode emplumado *Archaeopteryx* (Figura 1). Este viveu durante o período jurássico há cerca de 150 milhões de anos e era muito distinto das aves modernas (BORATTO, 2011) e forneceram a primeira prova de uma criatura que apresentava características comuns a dinossauros e aves.

Figura 1 – *Archaeopteryx*. Fonte: JAMES ZAWORSKI (2012)

As aves domésticas originaram-se de quatro espécies (*Gallus gallus domesticus*): *Gallus lafayetti* (Ave da Floresta, Figura 2), *Gallus sonneratii* (Ave Cinza da Floresta, Figura 3), *Gallus varius* (Java ou Ave Verde da Floresta, Figura 4), e *Gallus gallus bankiva* (Ave Vermelha da Floresta, Figura 5) (STEVENS, 1991).

Figura 2 - *Gallus lafayeatti* (fêmea e macho).
Fonte: PARK HAYVANCILIK (2012)

Figura 3 - *Gallus sonneratii* (macho e fêmea)
Fonte: PARK HAYVANCILIK (2012)

Figura 4 - *Gallus varius* (macho e fêmea).
Fonte: PARK HAYVANCILIK (2012)

Figura 5 - *Gallus gallus bankiva* (macho e fêmea).
Fonte: PARK HAYVANCILIK (2012)

A domesticação das aves de interesse econômico ocorreu a cerca de 6000 a.C., no sudoeste da Ásia, e desde então estas foram distribuídas em diversas partes do planeta, sendo a *Gallus gallus bankiva* principal ancestral das aves de produção industrial (WEST; ZHOU, 1988). No Brasil, as aves foram trazidas por volta de 1503, quando as embarcações passaram a trazer casais desta espécie para serem reproduzidas (ARASHIRO, 1989).

4.2 Melhoramento Genético de Aves

A avicultura industrial teve início nos Estados Unidos no final na década de 30, com relativa ascendência nas décadas de 40 e 50 (HENRY; ROTWELL, 1995). Somente após a Segunda Guerra mundial sistemas de produção maiores

e mais especializados passaram a se estabelecer na América do Norte e Europa. Isso provocou o desenvolvimento de programas mais avançados de melhoramento genético tendo como base principal o cruzamento de aves (ARTHUR; ALBERS, 2003).

Algumas das principais raças puras utilizadas para os cruzamentos industriais conforme descrição de Figueiredo et al. (2012), foram:

- i) Plymouth Rock: é uma raça americana de pele amarela, crista serra e ovos de casca marrom. Quando adultos, os machos pesam em torno 4,30 e as fêmeas 3,40 kg. As galinhas produzem em média 180 ovos no primeiro ciclo de postura, que pesam em torno 55 g. Algumas variedades de plumagem são: barrada ou carijó (Figura 6), branca (Figura 7), amarela, prata, perdiz (Figura 8), columbia e azul. A variante branca foi muito usada na formação de linhas cruzadas empregadas na obtenção de híbrido comercial de corte.

Figura 6 - Plymouth Rock Barrada (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

Figura 7 - Plymouth Rock Branca (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

Figura 8 - Plymouth Rock Perdiz (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- ii) Rhode Island Red: ave de origem americana, é considerada uma raça de duplo propósito (ovos e carne). A plumagem é em tom vermelho rico, brilhante, uniforme, com pontas das penas da gola e da cauda pretas (Figura 9). Em média os machos pesam 3,85 kg e as fêmeas atingem em torno de 3,0 kg. A produção de ovos pode variar entre 180 a 240 ovos por ciclo que pesam entre 56 a 65 g. Essa ave é muito utilizada para a produção de híbridos sexáveis pela cor. Atualmente, grande parte dos híbridos comerciais de postura resulta de cruzamentos específicos entre Rhode Island Red e Plymouth Rock Barrada.

Figura 9 - Rhode Island Red (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- iii) New Hampshire: raça de origem americana, que apresenta pele amarela, e ovos de casca marrom. A plumagem é castanha dourada, brilhante, uniforme, com as pontas da gola e cauda pretas (Figura 10). Por muitos anos foi utilizada para a produção de frangos de corte. Foi utilizada em muitos cruzamentos que formam os atuais híbridos de corte, principalmente em função da habilidade de produção ovos com alta viabilidade. Outra peculiaridade é a presença de uma mancha branca ou clara na asa dos pintos macho, e a ausência da mancha nos pintos fêmea, favorecendo a identificação do sexo das aves com um dia de idade, com um índice de acerto de 80-90%. Os machos atingem em média 3,63 kg e as fêmeas 2,95 kg. Produzem em média 220 ovos no primeiro ciclo de postura, que pesam em média 55g.

Figura 10 - New Hampshire (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- iv) Cornish: uma raça de corte de origem inglesa, com variedades de plumagem preta (Figura 11), branca laceada, vermelho e amarelo. Apresenta crista ervilha, pele amarela e produz ovos de casca marrom. O corpo possui conformação diferente das outras raças, tendo pernas mais curtas, corpo amplo com peito musculoso. As habilidades de produção de carne têm sido exploradas no cruzamento de galos Cornish com galinhas de raças como a Plymouth Rock Barrada, Plymouth Rock Branca, New Hampshire e linhas híbridas. Entretanto, produz poucos ovos, de tamanho pequeno e com pouca viabilidade. Os machos atingem em média 4,86 kg e as fêmeas 3,17 kg. Produzem em média 80 ovos no primeiro ciclo de postura, que pesam em média 50g.

Figura 11 - Cornish (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- v) Leghorn: É uma raça mediterrânea de crista serra ou crista rosa dobrada para a esquerda. A Raça possui diversas variedades de plumagem: branca (Figura 12), amarela, preta, prata, vermelha (Figura 13), preta com rabo vermelho, columbia e dourada. Ainda que apenas a variedade de crista lisa seja utilizada comercialmente, existem muitas outras variedades, algumas das quais sexáveis pela pena, com um dia de idade. As aves são de porte pequeno, os machos pesam em média 2,72 kg, enquanto que as fêmeas pesam em média 2,00 kg. As galinhas produzem em média 200 ovos por ciclo de postura, e peso médio do ovo de 55 g.

Figura 12 - Leghorn Branca (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

Figura 13 - Leghorn Vermelha (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- vi) Orpington: raça de origem inglesa, ave de duplo propósito (postura e carne). Apresenta plumagens nas variedades: preta, branca, amarela (Figura 14) e azul. Apresentam crista serra, pele branca e ovos de casca marrom. Os machos pesam em média 4,54 kg e as fêmeas 3,63 kg. As galinhas produzem em média 160 ovos que pesam em média 55g.

Figura 14 - Orpington (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

- vii) Turken - Originária da Transilvânia, apresenta pescoço pelado e crista do tipo serra. Apresenta cor de plumagem: vermelha (Figura 15), branca, amarela e preta. A característica de pescoço pelado é resultante de um único gene que controla o arranjo dos folículos de crescimento das penas, que se localizam sobre o corpo da ave. Este gene pode ser facilmente introduzido em qualquer raça. Quando adultos, os machos pesam em média 3,85 kg e as fêmeas 2,95 kg. Produzem em média 180 ovos de casca creme claro, pesando em média 55g.

Figura 15 - Turken (macho, fêmea e pintinhos). Fonte: DIANE JACKY (2012)

No Brasil, entre os anos de 1900 a 1930 as aves eram criadas soltas sem nenhum padrão específico de produção. Nos anos seguintes, até o início da década de 40, as características fenotípicas relacionadas à beleza das aves, passaram a ser selecionadas pelos produtores (SILVA; NAKANO, 1997). Somente a partir de 1957, o Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária de Centro-Sul iniciou um programa destinado à obtenção de aves poedeiras comerciais, cientificamente embasado (EUCLIDES FILHO, 1999; SILVA, 2009). Neste mesmo período a granja Guanabara que se dedicava ao melhoramento de poedeiras iniciou o melhoramento genético de frangos destinados à produção de carne (SCHMIDT; ÁVILA, 1990; SILVA, 2009).

Ainda na década de 50, na estação Experimental de Pindamonhangaba, ocorreram os primeiros cruzamentos envolvendo as raças Cornish Branca, New Hampshire e Plymouth Rock Branca. Cruzamentos destinados à produção de frangos mais precoces, resistentes, eficientes e com melhor conformação, em relação às raças puras (EUCLIDES CUNHA, 1999; SILVA, 2009).

Nos anos seguintes outras instituições iniciaram pesquisas genéticas: a Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ) nos anos 60; a Universidade Federal de Viçosa, no final de 1970; o Instituto de Zootecnia em Nova Odessa; a Universidade Federal de Pelotas (UFPeL) e a Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) em meados de 1980 (COELHO et al., 2008).

Em 1983, a Embrapa, por meio do Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves (Embrapa Suínos e Aves), iniciou o seu programa de melhoramento genético, visando à formação de linhagens de aves comerciais para produção de carne que, posteriormente, tornou-se mais abrangente, incluindo um programa de linhagens para postura. Posteriormente, a Embrapa ampliou seu programa de melhoramento para poedeiras, adquirindo as aves da antiga Granja Guanabara que estava em processo de falência (SILVA, 2009).

No entanto, o promissor mercado brasileiro nos anos de 1990 acabou por estagnar seus programas de melhoramento, devido à abertura de mercado estrangeiro, redução dos investimentos governamentais, e monopólio das multinacionais (EUCLIDES CUNHA, 1999; SILVA, 2009).

Atualmente, existe apenas um pequeno grupo de empresas que dominam o mercado mundial na área da genética avícola, são elas: Cobb-Vantress (Estados Unidos), Ross-Breeders (Reino Unido), Hybro BV (Holanda), Shaver

(Canadá), Hyline (Estados Unidos), Hubbard (Estados Unidos), HiSex (Holanda). Cerca de 90% dos pintinhos de corte criados do Brasil são produzidos pela Agrocere-Ross ou Cobb Vantress (COELHO et al., 2008).

Ao longo dos anos os programas de melhoramento e a seleção propiciaram grande evolução das aves, principalmente, para as características de crescimento. Cerca de 80% do progresso da avicultura foi possível por meio de melhoramento genético (ARTHUR; ALBERS, 2003). Tal ganho pode ser considerado diante de um breve histórico. Em 1930 um frango atingia, com 105 dias de idade, um peso de 1,50 kg com conversão alimentar de 3,50 kg/kg. Em 2011, um frango aos 41 dias de idade atingia em torno de 2,5 kg, com conversão alimentar de 1,76 (UBA, 2012).

Embora, existam diversos estudos sobre melhoramento genético animal para linhagens industriais, são escassos os estudos sobre linhagens caipiras. Dentro do grupo de aves caipiras estão englobadas linhagens de postura, corte e de dupla aptidão, as quais tem uma pequena, porém crescente, participação no mercado avícola brasileiro (SILVA, 2009). Os principais programas de melhoramento genético animal que trabalham com aves caipiras no Brasil, são os programas conduzidos pela Embrapa e a empresa Kaefer Globoaves que desenvolveram os frangos de corte Colonial Embrapa 041 (Figura 16) e o Label Rouge (Figura 17), respectivamente.

Figura 16 - Colonial Embrapa 041. Fonte: EMBRAPA (2012)

Figura 17 - Label Rouge. Fonte: ASHLEY FARMS (2012)

O Label Rouge é uma linhagem de frango rústico de origem francesa, pode apresentar média de peso vivo de 2,36 kg, conversão de 2,65 e rendimento de carcaça de cerca de 70% aos 84 dias (COELHO et al., 2008). A linhagem de frango corte Colonial Embrapa 041 é resultante do cruzamento entre linhagens pesadas e semi pesadas, atingindo aos 84 dias peso médio de 2,72 kg e conversão alimentar de 2,58 e rendimento de carcaça de 68,5% (FIGUEIREDO, et al., 2012).

4.3 Frango caipira

O sistema orgânico/agroecológico de criação de frangos de corte começou a ser normatizado pela Portaria nº 505, de 16 de outubro de 1998, baixada pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento (MAPA), sobre a produção de alimentos orgânicos (BRASIL, 1998). De acordo com Coelho et al. (2008), esta legislação trata como sinônimos os sistemas orgânico, ecológico, biológico, biodinâmico, natural, sustentável, regenerativo e agroecológico, mesmo os termos tendo significados práticos distintos uns dos outros.

O sistema de produção de aves de corte colonial/caipira é normatizado pelo ofício circular DOI/DIPOA nº 007/99, de 19/05/1999 e complementado pelo Ofício Circular DOI/DIPOA nº 014/2000 de 11/05/00, pelo MAPA, no qual as aves de corte são denominadas de frango caipira, frango estilo caipira, frango tipo colonial, frango estilo colonial.

Segundo esta legislação (BRASIL, 1999), as aves colonial/caipira: a) devem ter acesso à área externa após os 28 dias de idade; b) não podem receber promotores de crescimento ou ingredientes de origem animal na ração; c) a idade mínima de abate é de 85 dias; d) apenas linhagens específicas, como as nacionais, são permitidas.

Neste sistema, é permitido aos produtores substituir a ração por quirera ou milho em grão reduzindo, assim, os custos de alimentação. Sendo assim, o desempenho das aves fica condicionado à suplementação alimentar da pastagem, entretanto, não evita prejuízos para o ganho de peso destas aves (SAVINO et al., 2007; WANG et al., 2009).

Atualmente, muitos consumidores exigem carne de animais que durante seu desenvolvimento tenham estado em condições de bem-estar (SILVA et al.,

2003; HELLMEISTER FILHO et al., 2003; COELHO et al., 2007; VANHONACKER; VERBEKE, 2009) o qual na avicultura alternativa é requisito (SILVA et al., 2003; HELLMEISTER FILHO et al., 2003, TAKAHASHI et al., 2006; COELHO et al., 2007; WANG et al., 2009), levando a índices de mortalidade inferiores a 1% (COELHO et al., 2008).

A evolução da avicultura resultou em um frango de corte precoce e com grande rendimento de carcaça. Apesar disso, uma série de problemas metabólicos tem surgido, tais como: problemas de pernas e pés, devido ao excesso de peso; a síndrome da morte súbita; fibrilação ventricular e estresse respiratório; a ascite resultante de extravasamento de líquido do fígado para o abdome, afetando negativamente o desempenho (MENDL, 1999; MARIN et al., 2001; BORGES et al., 2003). Entretanto, esse rápido crescimento pode aumentar a suscetibilidade destes animais ao estresse (SOSNICK et al., 1998; JONES; MILLS, 1999), afetando negativamente a qualidade da carne tornando-a pálida, mole e exsudativa, também chamada de carne PSE (do inglês pale, soft and exudative).

O fenômeno PSE é caracterizado pelas alterações relacionadas à qualidade de carne como sabor, cor, capacidade de retenção de água e textura (SMITH; NORTHCUTT, 2009), com problemas de aparência aos consumidores (LARA et al., 2002), pois para estes, a cor está relacionada à qualidade da carne, e influencia diretamente na escolha do consumidor (FLETCHER, 1999).

Os consumidores relacionam a cor da carne com o frescor e à qualidade do produto como um todo (ALLEN et al., 1998). Problemas relacionados à cor de carne de frangos, tanto crua como cozida, têm sido um dos maiores desafios para a indústria avícola nos últimos anos (QIAO et al., 2001). O sabor, odor e aparência visual da carne são os principais diferenciais para a carne do frango caipira. Isto se deve as condições de criação que aumentam a atividade motora, favorecendo o desenvolvimento da massa muscular e reduzindo a gordura, além de deixar os animais menos sensíveis aos eventos estressantes o que ajuda a melhorar a qualidade da carne no pós-abate (CASTELLINI et al., 2002). Outro aspecto, é que o consumo de pasto pelas aves melhora os atributos sensoriais da carne (PONTE et al., 2008).

Os frangos do tipo caipira são abatidos posteriormente à maturidade sexual, e de acordo com Yang e Jiang (2005) as aves que atingem a maturidade

sexual possuem sabor mais agradável devido a alterações nas propriedades físico-químicas e sensoriais na carne, como a inosina-5'-monofosfato, os quais são ribonucleotídeos, que constituem a base para o sabor da carne (MADRUGA; MOTTRAN, 1998). A gordura intramuscular é outro fator importante que tem grande contribuição para o sabor da carne em frangos. Muitos consumidores compram este produto, pois acreditam que este produto tem qualidades sensoriais superiores tal como palatabilidade (SAVINO et al., 2007).

4.4 Crescimento

O crescimento animal é definido como a variação dos parâmetros que avaliam o esqueleto e o desenvolvimento somático, o qual é regulado por fatores extrínsecos ou ambientais e por fatores intrínsecos ou orgânicos (OWENS et al., 1993). O crescimento está sob controle hormonal complexo e pode ser influenciado por hormônios da paratireoide e da tireoide, pela vitamina D, pela calcitonina, pelo hormônio do crescimento, pela insulina, por glicocorticoides e pelos hormônios sexuais (RAISZ; KREAM, 1981).

A curva de crescimento animal é caracterizada por possuir três fases: ascendente, estabilização (platô ou inflexão) e descendente, apresentando então, formato sigmoide. Nas aves a primeira fase é prolongada após a eclosão, desacelerando com o avançar da idade, diminuindo os ganhos de massa corpórea progressivamente. O ponto de inflexão é a mudança do padrão entre a ascendência e a descendência da curva, ou seja, a curva passa de côncava para convexa (BRITO, 2007).

O crescimento normalmente é medido em função do aumento de massa, ele inclui não somente a multiplicação de células, mas também aumento no tamanho das células (OWENS et al., 1993). Durante o período embrionário, o crescimento muscular ocorre por hiperplasia (multiplicação celular), mas nos mamíferos, após o nascimento, as células especializadas perdem a habilidade de replicação e crescem somente por hipertrofia (crescimento celular) (BUCKINGHAN et al., 2003). Outros tecidos (células sanguíneas, folículos pilosos, epitélio gastrointestinal, órgãos do trato digestório, ectoderme) continuam a se dividir durante a vida do animal.

4.5 Modelos Não Lineares

O processo de crescimento animal avaliado sobre um período de tempo tem sido muitas vezes explicado por equações matemáticas (AGGREY, 2002). Estas relações matemáticas entre o crescimento animal e o tempo, são denominadas de curvas de crescimento (McMANUS et al., 2003). Geralmente, as curvas de crescimento são analisadas por meio de regressões lineares ou não lineares, pois, dessa maneira, é possível avaliar as informações de todo o período de vida dos indivíduos, ou seja, um conjunto de informações em série de peso por idade, em um grupo de parâmetros interpretáveis biologicamente (FITZHUGH Jr., 1976; OLIVEIRA et al., 2000).

De acordo com Draper e Smith (1998), modelos de regressão são classificados por:

- a) Modelos lineares: aqueles que são lineares em relação aos parâmetros, ou seja, as derivadas parciais não dependem dos parâmetros, onde:

$$\frac{\partial}{\partial \theta_j} f_i(X, \theta) = g(X)$$

com $i = 1, 2, \dots, n$ e $j = 1, 2, \dots, p$;

- b) Modelos linearizáveis: aqueles que podem ser transformados em modelos lineares por meio de alguma transformação. Para o modelo:

$$Y = a^x \cdot e$$

no qual o erro é dito multiplicativo, aplicando-se logaritmo à igualdade tem-se:

$$\ln Y = \ln (a^x \cdot e)$$

$$\ln Y = \ln a^x + \ln e$$

$$\ln Y = X \ln a + \ln e$$

quando $Z = \ln Y$; $b = \ln a$; $e^* = \ln e$, logo:

$$Z = bX + e^* \text{ que é linear, pois:}$$

$$\frac{\partial f}{\partial f} = X = g(X), \text{ logo o modelo é dito linearizável:}$$

- c) Modelos não lineares: aqueles que não se enquadram nos casos A e B

$$Y = a^x + e$$

no qual o erro é considerado aditivo e não existe transformação capaz de tornar o modelo linear, assim as derivadas parciais dependem de parâmetros:

$$\frac{\partial f}{\partial a} = Xa^{X-1} = g(X, a), \text{ portanto, o modelo é dito não linear.}$$

O método de estimação do crescimento mais comum é o de regressão não linear. Este procedimento minimiza a soma dos quadrados dos desvios entre o peso predito pela função matemática e o peso observado. Para melhorar a adequação da curva estimada da curva de medida uma ponderação é aplicada às observações para levar em conta o aumento da variância dos pesos com a idade (PASTERNAK; SHALEV, 1994).

Um modelo é dito não linear quando ele não é linear em relação aos parâmetros e nem pode ser linearizado por meio de transformações, uma vez que admite uma estrutura de erros aditiva. Os modelos não lineares diferem dos modelos lineares nas propriedades de estimação. Ou seja, com as pressuposições de normalidade e independência dos erros satisfeitas, os estimadores para o caso linear são não tendenciosos, de variância mínima e normalmente distribuídos. No caso não linear, isto ocorre quando o tamanho da amostra é suficientemente grande (RATKOWSKY, 1983).

4.6 Modelos não lineares para curvas de crescimento

Os principais objetivos do estudo das curvas de crescimento, segundo Freitas et al. (2005), são: compreender as características de crescimento da população, pois alguns parâmetros dos modelos não lineares possuem interpretação biológica; avaliar o perfil de respostas de tratamentos ao longo do tempo; estudar as interações de respostas das subpopulações ou tratamentos com o tempo; identificar os animais mais precoces. A taxa de crescimento é um dos principais critérios de seleção dos programas de melhoramento na maioria das espécies de produção de carne (FITZHUGH Jr., 1976; MAZZINI et al., 2005; IBÁÑEZ-ESCRICHE; BLASCO, 2011).

A partir do ajuste da curva é possível descrever o aumento do peso vivo ao longo do tempo com parâmetros que são biologicamente interpretáveis (AGGREY, 2002). Os parâmetros da curva de crescimento têm como finalidade prever taxas de crescimento, necessidades alimentares, peso a maturidade e

graus de maturidade, servindo como critério de seleção em programas de melhoramento animal (FITZHUGH Jr, 1976; KEELE et al., 1992; WILLIAMS et al., 1992).

A compreensão da biologia dos parâmetros do modelo e suas relações fornece uma base sólida para modificar a forma da curva de crescimento animal por intermédio de seleção (IBÁÑEZ-ESCRICHE; BLASCO, 2011). Neste sentido, as curvas de crescimento refletem a relação entre a idade do animal e sua taxa de crescimento e maturidade (AGGREY, 2002), e ainda podem fornecer informações importantes sobre a variação genética e ambiental, que ocorrem entre as avaliações consecutivas, fatores fundamentais para pesquisas e recomendações sobre eficiência de produção em programas de melhoramento (MANSOUR et al., 1991).

As funções não lineares mais utilizadas para ajustar as relações peso-idade são as funções de Brody, Gompertz, Logística e von Bertalanffy, que possuem três parâmetros, e a função Richards, com quatro parâmetros. Dentre esses, os parâmetros A e k têm importantes interpretações biológicas (MEYER et al., 1995; MAZZINI et al., 2005; SILVA et al., 2011; JAFFRÉZIC et al., 2012). O parâmetro A representa o peso assintótico ou peso adulto do indivíduo. O parâmetro k representa a taxa de maturação ou crescimento, isto é, define a relação entre a taxa de crescimento relativo e o peso adulto do animal. Maiores estimativas de k , sugerem que os indivíduos são mais precoces. Em aves, para machos e fêmeas as curvas de crescimento são usadas indistintamente para machos e fêmeas.

No estudo de curvas de crescimento pode ocorrer heterogeneidade de variâncias dos pesos corporais, pois à medida que a idade aumenta, a variância dos pesos corporais também aumenta (FUJII; SUZUKI, 2006). Somente o ajuste simples de uma regressão não linear a dados longitudinais pode ser ineficiente, uma vez que não considera a heterogeneidade de variâncias, ocasionando “distúrbios de regressão”, estimativas viesadas e subestimação das variâncias dos parâmetros (PASTERNAK; SHALEV, 1994). Uma solução proposta é o ajuste das curvas de crescimento de forma ponderada pelo inverso da variância dos pesos, a qual promove uma redução na variabilidade das estimativas dos parâmetros (ELIAS, 1998).

4.7 Modelos de Regressão Aleatória

A avaliação de peso, em diferentes idades, são características amplamente utilizadas como critério de seleção em programas de melhoramento animal (MEYER, 2000; GAYA et al., 2006; SILVA et al., 2011). Estas características que são mensuradas várias vezes durante a vida do animal, também são conhecidas como medidas repetidas ou dados longitudinais.

As avaliações genéticas, tradicionalmente, têm sido realizadas por meio do modelo animal, em análises uni ou multicaracterísticas, sob a metodologia de modelos mistos. Os modelos de regressão aleatória (MRA), denominados modelos de "dimensão infinita", têm sido propostos como alternativa para avaliação genética de características que são medidas repetidamente na vida do animal ou são consideradas como função de qualquer variável contínua (MEYER, 2000).

A proposta relacionada à regressão aleatória foi apresentada primeiramente por Henderson Jr. (1982). Nesta proposta, diferentes coeficientes de regressão são associados aos diferentes indivíduos de uma determinada população, de forma que se os indivíduos são aleatórios, os coeficientes de regressão associados a estes indivíduos, devem ser obrigatoriamente, tratados como efeitos aleatórios (HENDERSON, 1984).

A principal diferença entre os MRA e os modelos de repetibilidade e multicaracterística está na inclusão de colunas de covariáveis na matriz de incidência dos efeitos aleatórios, em substituição as colunas de zero e um. Dessa forma, considera-se que as variâncias podem ser alteradas com o tempo, além de permitirem a estimação de parâmetros individuais que consideram o parentesco entre os animais (MEYER; HILL, 1997).

O MRA pressupõe que todos os registros, de um mesmo animal, se referem a uma mesma característica, porém assumindo diferentes correlações genéticas entre esses registros, considerando que o caráter em questão pode estar mudando continua e gradualmente com o passar do tempo (KIRKPATRICK et al., 1994). Estes levam em consideração a forma da curva das características as quais são avaliadas, e permitem o ajuste de curvas aleatórias para cada indivíduo expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos (SCHAEFFER; JAMROSIK, 2008).

Os MRA são considerados casos especiais de funções de covariância, os quais permitem estimar diretamente estes coeficientes pelo método da máxima verossimilhança restrita (MEYER; HILL, 1997). As funções de covariância, as quais inicialmente foram desenvolvidas por Kirkpatrick et al. (1990), para o melhoramento de bovinos leiteiros, são uma forma de modelar variâncias e covariâncias ao longo do tempo e são descritas como regressões aleatórias em que as covariáveis são expressões padronizadas do tempo variando de -1 a $+1$ (SCHAEFFER, 1999). As funções de covariância podem ser obtidas por meio das matrizes de variância e covariância dos modelos de dimensão finita, ou por meio das matrizes de covariância entre os coeficientes de regressão, estimadas pelos MRA (MEYER, 1998).

Os modelos de regressão aleatória para dados longitudinais em lugar de avaliações pontuais possibilita a separação da variação da curva de crescimento fenotípica em seus diferentes efeitos: genético aditivo, de ambiente permanente individual e materno, e de ambiente temporário, por meio da determinação dos coeficientes de regressão aleatórios para esses diferentes efeitos (MEYER, 2000).

Além disso, a utilização de MRA permite que a acurácia da avaliação seja aumentada, devido principalmente à eliminação de pré-ajustes nos dados e à possibilidade de se trabalhar com todas as pesagens disponíveis e com covariâncias adequadas (MEYER; HILL, 1997).

Os MRA admitem a análise de registros repetidos de características que mudam gradativamente ao longo do tempo e não necessitam pressuposições quanto à constância das variâncias e correlações (MEYER, 2000). Estes modelos permitem a modelagem dos efeitos aleatórios, utilizando funções polinomiais lineares e, também, consideram heterogeneidade de variâncias residuais em cada idade (LEWIS; BROTHERSTONE, 2002).

Inicialmente os modelos de regressão aleatória consideravam a estrutura de variâncias residuais homogêneas, que juntamente associada a problemas de ajuste das variâncias de efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1997).

O ajuste dos modelos, ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, tende a melhorar a partição da variância total, nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo de análise. No entanto, aumenta o número

de parâmetros a ser estimado, o que dificulta a convergência na estimação dos componentes de variância. Contudo, modelos com estruturas de variâncias residuais distintas e número reduzido de classes de variâncias, advindas do agrupamento de classes que contêm variações semelhantes, ou por meio de funções de variância residuais, utilizando polinômios ortogonais de Legendre ou ordinários têm sido propostos para melhorar estas análises (MEYER et al., 2000; LEWIS; BROTHERSTONE, 2002; FUJII; SUZUKI, 2006).

A utilização do modelo de regressão aleatória exige a escolha de uma função para a descrição das trajetórias dos efeitos fixos e aleatórios, estas funções podem ser ortogonais, paramétricas ou de covariância (COBUCCI et al., 2006). Dentre estas, os polinômios ortogonais de Legendre têm sido utilizados (MEYER et al., 2000; LIU; ZHANG; SCHAEFFER, 2006). Os polinômios de Legendre são regressões ortogonais, portanto possuem a vantagem computacional de reduzir a correlação entre os coeficientes estimados, facilitando a convergência (SCHAEFFER; JAMROZIK, 2008).

Os polinômios ortogonais de Legendre são os mais adequados para serem usados como covariáveis no ajuste desses modelos, pois evitam a superestimação das variâncias genéticas e herdabilidades nos extremos da trajetória ou período da lactação (SCHAEFFER, 2004). Estes polinômios, não requerem qualquer pressuposição sobre a forma da curva ou trajetória da característica com o tempo, são flexíveis e têm se mostrado capazes de modelar as mudanças das médias e variâncias, para as características que se repetem (ALBUQUERQUE; PEREIRA, 2006). As funções de Legendre estão ilustradas na Tabela 2.

Tabela 2 – Funções polinomiais de Legendre

Ordem do polinômio	Expressões
1ª ordem	$\chi_0 = \sqrt{1/2}$
2ª ordem	$\chi_1(t) = \sqrt{3/2} \cdot t$
3ª ordem	$\chi_2(t) = 1/2 \cdot \sqrt{5/2} \cdot (3t^2 - 1)$
4ª ordem	$\chi_3(t) = 1/2 \cdot \sqrt{7/2} \cdot (5t^2 - 3t)$

4.8 Avaliação do Ajuste dos Modelos

Os MRA ajustados por meio de funções polinomiais de Legendre requerem a definição da ordem mais apropriada para cada efeito aleatório considerado no modelo de análise. As metodologias mais usadas na comparação quanto ao ajuste dos modelos são variância residual total (TRV), função da máxima verossimilhança ($\log(L)$), critério de informação Akaike (AIC) e (BIC). Menores valores indicam melhor ajuste e qualidade nos modelos (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003).

O valor da função de máxima verossimilhança é considerado um indicativo da qualidade do ajuste dos modelos, todavia, esse modelo favorece os modelos mais complexos e aqueles com maior número de parâmetros (LÓPEZ-ROMERO; CARABAÑO, 2003). O número de parâmetros pode ser corrigido, assim como ocorre com os critérios de informação Bayesiano e de informação de Akaike (STRABEL; SZYDA; PTAK, 2005). No entanto, nestes critérios ocorrem penalizações dos modelos mais complexos como os que apresentam maior número de parâmetros, sendo que no critério de informação Bayesiano a penalidade é mais rigorosa (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003). Outros critérios como a demanda computacional, flexibilidade e robustez do modelo podem ser utilizados na escolha do melhor modelo.

Referências

AGGREY, S.E. Comparison of three nonlinear and spline regression models for describing chicken growth curves. **Poultry Science**, Savoy, v. 81, p. 1782-1788, 2002.

ALBUQUERQUE, L.G.; PEREIRA, C.S. Evolução dos modelos de avaliação genética e novos desafios. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, p. 818-841, 2006.

ALLEN, C.D.; FLETCHER, D.L.; NORTHCUTT, J.K.; RUSSELL, S.M. The relationship of broiler breast color to meat quality and shelf-life. **Poultry Science**, Savoy, v. 77, n. 2, p. 361-366, 1998.

ARASHIRO, O. **A história da avicultura do Brasil**. São Paulo: Gessulli, 1989. 130 p.

ARTHUR, J.A.; ALBERS, G.A.A. Industrial perspectives on problems and issues associated with poultry breeding. In: MUIR, W.M.; AGGREY, S.E. **Poultry genetics, breeding and biotechnology**. Wallingford: CABI Publ., 2003. chap. 1, p. 1-12.

ASHLEY FARMS. Disponível em: <<http://www.ashleyfarms.com/poulet-rouge-fermier.php>>. Acesso em: 30 de julho de 2012.

BORATTO, A. **Avicultura**. Barbacena: Editora Tecbrasil, 2011. 99 p.

BORGES, S.A.; MAIORKA, A.; FECHAR DA SILVA, A.V. Fisiologia do estresse calórico e a utilização de eletrólitos em frangos de corte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 5, p. 975-981, 2003.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria n.º 210, de 10 de novembro de 1998. Regulamento técnico da inspeção tecnológica e higiênico - sanitária de carne de aves. Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Diário Oficial da União**, Brasília, 26 nov. 1998. s. 1, p. 226.

_____. **Ofício circular** 007/1999. Brasília, 1999. 2 p.

BRITO, C.O. **Desempenho e avaliação de carcaça de frangos de corte submetidos a dietas formuladas com base em aminoácidos totais e digestíveis e estimativas do crescimento e da deposição de tecido corporal utilizando equações matemáticas**. 2007. 162 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007.

BUCKINGAM, M.; BAJARD, L.; CHANG, T.; DAUBAS, P.; HADCHOUEL, J.; MEILHAC, S.; MONTARRAS, D.; ROCANCOURT, D.; RELAX, F. The formation of skeletal muscle: from somite limb. **Journal of Anatomy**, Oxford, v. 202, p. 59-68, 2003.

CAMPOS, E.J.; PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético das aves. In: PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEP-MVZ, 1999. p. 284-314.

CASTELLINI, C.; MUGNAI, C.; DAL BOSCO, A. Effect of organic production system on broiler carcass and meat quality. **Meat Science**, Savoy, v. 60, p. 219-225, 2002.

COBUCI, J.A.; COSTA, C.N.; TEIXEIRA, N.M.; FREITAS, A.F. Utilização dos polinômios de Legendre e da função de Wilmink em avaliações genéticas para persistência na lactação de animais da raça Holandesa. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 58, n. 4, p. 614-623, 2006.

COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; ROSÁRIO, M. F. **Frango feliz: caminhos para a avicultura alternativa**. Piracicaba: FEALQ, 2008. 88 p.

COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; ROSÁRIO, M.F.; SILVA, M.A.N.; CASTILLO, C.J.C.; SPOTO, M.H.F. Características da carcaça e da carne de genótipos de frangos caipiras. **Brazilian Journal of Food Technology**, Campinas, v. 10, p. 9-15, 2007.

DIANE JACKY. Disponível em: <<http://www.dianejacky.com/Gallery.html>>. Acesso em: 30 de julho de 2012.

DRAPER, N.R.; SMITH, H. **Applied regression analysis**. 3rd ed. New York: John Wiley, 1998. 706 p.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia do controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1104-1113, 2003.

ELIAS, A.M. **Análise de curvas de crescimento de vacas das raças Nelore, Guzará e Gir**. 1998. 128 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

EMBRAPA. Disponível em: <http://www.cnpsa.embrapa.br/sgc/sgc_publicacoes/itav021.pdf>. Acesso em: 30 de julho de 2012.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. Campo Grande: EMBRAPA Gado de Corte, 1999. 63 p.

FANATICO, A.C.; PILLAI, P.B.; CAVITT, L.C.; EMMERT, J.L.; MEULLENET, J.F.; OWENS, C.M. Evaluation of slower-growing broiler genotypes grown with and without outdoor access: sensory attributes. **Poultry Science**, Savoy, v. 85, p. 337-343, 2006.

FIGUEIREDO, E.A.P. de; SCHMIDT, G.S.; LEDUR, M.C.; AVILA, V.S. **Raças de galinhas mais apropriadas para criações comerciais e de subsistência no Brasil**. Concórdia: Embrapa Suínos e Aves, 2003. 8 p. (Embrapa Suínos e Aves. Comunicado Técnico, 347).

FITZHUGH Jr., H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shapes. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 42, n. 4, p. 1036-1051, 1976.

FLETCHER, D.L. Broiler breast meat color variation, pH and texture. **Poultry Science**, Savoy, v. 78, p. 1323-1327, 1999.

FREITAS, A.R. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 786-795, 2005.

FUJII, C.; SUZUKI, M. Comparison of homogeneity and heterogeneity of residual variance using random regression test-day models for first lactation Japanese Holstein cows. **Animal Science Journal**, Edinburg, v. 77, p. 28-32, 2006.

GAYA, L.G.; FERRAZ, J.B.S. Aspectos genético-quantitativos da qualidade da carne em frangos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 349-356, 2006.

GAYA, L.G.; MOURÃO, G.B.; FERRAZ, J.B.S. Aspectos genético-quantitativos de características de desempenho, carcaça e composição corporal em frangos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 2, p. 709-716, 2006.

HELLMEISTER FILHO, P.; MENTEN, J.F.M.; SILVA, M.A.N.; COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M. Efeito do genótipo e do sistema de criação sobre o desempenho de frangos tipo caipira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1883-1889, 2003.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, non homogeneous and random regression. **Biometrics**, Washington, v. 38, p. 633-640, 1982.

HENRY, R.; ROTHWELL, G. **The world poultry industry**. Washington: The World Bank, 1995. 74 p.

IBÁÑEZ-ESCRICHE, N.; BLASCO, A. Modifying growth curve parameters by multitrait genomic selection references. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 89, p. 661-668, 2011.

JAFFRÉZIC, F.; MEZA, C.; LAVIELLE, M.; FOULLEY, J. L. Genetic analysis of growth curves using the SAEM algorithm. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 38, p. 583-600, 2006.

JAMES ZAWORSKI. Disponível em: <<http://jameszaworski.blogspot.com.br/>>. Acesso em: 30 de julho de 2012.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R.; DEKKERS, J.C.M. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 80, p. 1217-1226, 1997.

JONES, R.B.; MILLS, A.D. Divergent selection for social reinstatement behavior in Japanese quail: effects on sociality and social discrimination. **Poultry Avian Biology Reviews**, Hertz, v. 10, n. 4, p. 213-223, 1999.

KEELE, J.W.; WILLIAMS, C.B.; BENNETT, G.L. A computer model to predict the effects of level of nutrition on composition of empty body gain in beef cattle. I. Theory and development. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 841-857, 1992.

KIRKPATRICK, M.; HILL, W.G.; THOMPSON, R. Estimating the covariance structure of traits during growth and aging, illustrated with lactation in dairy cattle. **Genetics Research**, Cambridge, v. 64, p. 57-69, 1994.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, Bethesda, v. 124, p. 979-993, 1990.

LARA, J.A.F.; NINOV, K; BONASSI, C.A.; LEDUR, M.C.; NEPOMUCENO, A.L.; SHIMOKOMAKI, M. Estresse térmico e incidência de carne PSE em frangos. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, Campinas, n. 4, p. 15, 2002.

LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science Journal**, Edinburgh, v. 74, p. 63-70, 2002.

LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER L.R. Short communication: optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 89, p. 2233-2235, 2006.

LÓPEZ-ROMERO, P.; CARABAÑO, M.J. Comparing alternative random regression models to analyze first lactation daily milk yield data in Holstein-Friesian cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 82, p. 81-96, 2003.

MADRUGA, M.S.; MOTRAM D.S. Sensory analysis of a model system using 5'-imp and cysteine at different pH. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 18, n. 4, p. 397-400, 1998.

MANSOUR, H.; JENSEN, E.L.; JOHNSON, L.P. Analysis of covariance structure of repeated measurements in Holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 74, n. 8, p. 2757-2766, 1991.

MARIN, R.H.; FREYTES, P.; GUZMAN, D.; JONES, R.B. Effects of an acute stressor on fear and on the social reinstatement responses of domestic chicks to cagemates and strangers. **Applied Animal Behaviour Science**, Amsterdam, v. 71, n. 1, p. 57-66, 2001.

MAZZINI, A.R.A.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F.; AQUINO, L.H. Curva de crescimento de novilhos Hereford: heterocedasticidade e resíduos autorregressivos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 2, p.422-427, 2005.

McMANUS, C.; EVANGELISTA, C.; FERNANDES, L.A.C.; ROBERTO MEIRELLES MIRANDA, R.M.; MORENO-BERNAL, F.E.; SANTOS, N.R. Curvas de crescimento de ovinos Bergamácia criados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1207-1212, 2003.

MENDL, M. Performing under pressure: stress and cognitive function. **Applied Animal Behaviour Science**, Amsterdam, v. 65, p. 221-244, 1999.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 44, p. 125-137, 1995.

_____. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 30, p. 221-240, 1998.

_____. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 65, p. 19-38, 2000.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 47, p. 185-200, 1997.

OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1843-1851, set. 2000.

OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 71, p. 3138-3150, 1993.

PARK HAYVANCILIK. Disponível em:

<<http://www.parkhayvancilik.com/bilgiler.html>>. Acesso em: 30 de julho de 2012.

PASTERNAK, H.; SHALEV, B.A. The effect of a feature of regression disturbance on the efficiency of fitting growth curves. **Growth, Development & Aging**, Bar Harbor, v. 58, n. 1, p. 33-39, 1994.

PONTE, P.I.P.; ROSADO, C.M.C.; CRESPO, J.P.; CRESPO, D.G.; MOURÃO, J.L.; CHAVEIROSOARES, M.A.; BRÁS, J.L.A.; MENDES, I.; GAMA, L.T.; PRATES, J.A.M.; FERREIRA, L.M.A.; FONTES, C.M.G.A. Pasture intake improves the performance and meat sensory attributes of free-range broilers. **Poultry Science**, Savoy, v. 87, p. 71-79, 2008.

QIAO, M.; FLETCHER, D.L.; SMITH, D.P.; NORTHCUTT, J.K. The effect of broiler breast meat color on pH, moisture, water-holding capacity, and emulsification capacity. **Poultry Science**, Savoy, v. 80, p. 668-676, 2001.

RAISZ, L.G.; KREAM, B.E. Hormonal control of skeletal growth. **Annual Review of Physiology**, Palo Alto, v. 43, p. 225-238, 1981.

RATKOWSKY, D.A. **Nonlinear regression modeling**. New York: Marcel Dekker, 1983. 276 p.

SAVINO, V.J.M.; COELHO, A.A.D.; ROSÁRIO, M.F.; SILVA, M.A.N. Avaliação de materiais genéticos visando à produção de frango caipira em diferentes sistemas de alimentação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 3, p. 578-583, 2007.

SCHAEFFER, L.R. **Random regression models**. 1999. Disponível em: <<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/lesson14>>. Acesso em: 08 set. 2012. _____. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 86, p. 35-45, 2004.

SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J. Random regression models: a longitudinal perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 125, p. 145-146, 2008.

SCHMIDT, G.S.; ÁVILA V.S. Linhagens avícolas brasileiras. In: SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA. **Novas tecnologias de produção animal**. Piracicaba: FEALQ, 1990. p. 1-6.

SILVA, F.L.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; PACKER, I.U.; MOURÃO, G.B. Curvas de crescimento em vacas de corte de diferentes tipos biológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 3, p. 262-271, 2011.

SILVA, M.A. Evolução do melhoramento genético de aves no Brasil. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n. 3, p. 437-445, 2009.

SILVA, M.A.N.; HELLMEISTER FILHO, P.; ROSÁRIO, M.F.; COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; GARCIA, A.A.F.; SILVA, I.J.O.; MENTEN, J.F.M. Influência do sistema de criação sobre o desempenho, a condição fisiológica e o comportamento de linhagens de frangos para corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 1, p. 208-213, 2003.

SILVA, R.D.M.; NAKANO, M. **Sistema caipira de criação de galinhas**. Piracicaba: O Editor, 1998. 110 p.

SMITH, D.P.; NORTHCUTT, J.K. Pale poultry muscle syndrome. **Poultry Science**, Savoy, v. 88, p. 1493-1496, 2009.

SOSNICKI, A.A.; GREASER, M.L.; PIETRZAK, M.; POSPIECH, E.; SANTE, V. PSE-like syndrome in breast muscle of domestic turkeys: a review. **Journal of Muscle Foods**, Hoboken, v. 9, p. 13-23, 1998.

STRABEL, T.; SZYDA, J.; PTAK, E. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 88, p. 3688-3699, 2005.

TAKAHASHI, S.E.; MENDES, A.A.; SALDANHA, E.S.P.B.; PIZZOLANTE, C.C.; PELÍCIA, K.; GARCIA, R.G.; PAZ, I.C.L.A.; QUINTEIRO, R.R. Efeito do sistema de criação sobre o desempenho e rendimento de carcaça de frangos de corte tipo colonial. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 58, n. 4, p. 624-632, 2006.

UNIÃO BRASILEIRA DE AVICULTURA. **Relatório anual de 2011**. 2011. Disponível em: <<http://www.abef.com.br/uba/exibenoticiauba.php?notcodigo=2041>>. Acesso em: 10 fev. 2012.

VANHONACKER, F.; VERBEKE, W. Buying higher welfare poultry products? Profiling Flemish consumers who do and do not. **Poultry Science**, Savoy, v. 88, p. 2702-2711, 2009.

VAYEGO, S.A.; DIONELLO, N.J.L.; FIGUEIREDO, E.A.P. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1230-1235, 2008.

WANG, J.; SHI, S.R.; DOU, T.C.; SUN, H.J. Effect of a free-range raising system on growth performance, carcass yield, and meat quality of slow-growing chicken. **Poultry Science**, Savoy, v. 88, p. 2219-2223, 2009.

WEST, B.; ZHOU, B.X. Did chickens go north? New evidence for domestication. **Journal of Archaeological Science**, London, v. 14, p. 515-533, 1988.

WILLIAMS, C.B.; KEELE, J.W.; BENNETT, G.L.A. Computer model to predict the effects of level of nutrition on composition of empty body gain in beef cattle. II. Evaluation of the model. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 70, p. 858-866, 1992.

YANG, N.; JIANG, R.S. Recent advances in breeding for quality chickens. **World's Poultry Science Journal**, Cambridge, v. 61, p. 373-381, 2005.

5 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CURVAS DE CRESCIMENTO EM LINHAGENS DE FRANGO CAIPIRA

Resumo

As análises de dados de medidas longitudinais são de grande relevância para a produção animal. Entre essas medidas destaca-se o peso corporal, que tradicionalmente, é utilizado para a determinação das curvas de crescimento. Desta forma os objetivos neste estudo foram comparar as funções das curvas de crescimento: von Bertalanffy, Gompertz, Logístico, Richards e Brody, considerando-se os modelos ajustados pelos métodos dos Mínimos Quadrados Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*). Além de selecionar uma curva de crescimento que melhor descreva o padrão de crescimento destas linhagens, e estimar os componentes genéticos dos parâmetros A (peso assintótico) e k (taxa de crescimento) destas funções. Para tal foi utilizado um banco de dados com 30.429 informações de peso do nascimento (PN) aos 84 (P84) dias de idade das linhagens experimentais de frango caipira: 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado. O modelo que melhor se adequou a curva de crescimento para as linhagens estudadas foi a função Gompertz ajustado pelo método dos Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*). Os parâmetros genéticos estimados para as medidas A e k dos modelos Gompertz ponderado podem ser utilizados como critérios de seleção, pois demonstram ter efeito genético considerável para estas características. No entanto, deve haver cautela na utilização do parâmetro A como critério de seleção para a linhagem Carijó Barbado devido a baixa herdabilidade. As correlações genéticas e fenotípicas entre as características A e k foram negativas e altas, indicando que quanto maior o peso assintótico menor a taxa de crescimento.

Palavras-chave: Componentes de variância; Crescimento; Heterogeneidade de variância; Linhagens caipiras; Modelos não lineares

Abstract

Analyses of data from longitudinal measurements are of great relevance to animal production. Body weight is traditionally used to quantify growth curves. The objectives of this study were to compare the functions of the: von Bertalanffy, Gompertz, Logistic, Richards and Brody growth curves considering models adjusted from either the Ordinary Least Squares (OLS) or Weighted Least Squares (WLS) methods. In addition, the study aimed to estimate the genetic components of the parameters A (asymptotic weight) and k (growth rate) for these functions. For this, we used a database with 30,429 data points containing weight at birth to 84 days of age of experimental free-range chicken lines: 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ and Carijó Barbado. The model that best adapted to growth curve for all lines studied was the Gompertz function, which was adjusted using weighted least squares. Genetic parameters for k and A measurements can be used as selection criteria because they demonstrate considerable genetic effects for these characteristics. However, there must be caution in the use of A parameter as a selection criteria for the Carijó Barbado line due to low heritability. The genetic and phenotypic correlations between traits A

and k were negative and high, indicating that the larger asymptotic weight, the lower the growth rate.

Keywords: Free-range chickens; Growth; Heterogeneity of variance; Nonlinear models; Variance components;

5.1 Introdução

As análises de dados de medidas longitudinais são de grande relevância para a produção animal, pois incluem as situações em que as unidades experimentais ou indivíduos, de diferentes subpopulações ou tratamentos, são analisados ao longo do tempo (FREITAS, 2005; JAFRÉZIC et al., 2006). Entre essas medidas destaca-se o peso corporal, que tradicionalmente, é utilizado para a quantificação das curvas de crescimento.

A curva de crescimento animal possui, geralmente, formato sigmoide, e se caracteriza por apresentar crescimento lento durante a etapa inicial de vida, seguindo por uma fase de aceleração, até atingir ao ponto de inflexão, na qual a taxa de crescimento está desacelerando, e atinge o valor limite do peso a maturidade (peso assintótico ou peso adulto) (ROUSH; BRANTON, 2005). Modelos não lineares têm sido amplamente utilizados para explicar as relações entre tamanho e idade em diversas espécies de interesse econômico (BRANCINI NETO et al., 1996; GOLIOMYTIS; ROGDAKIS, 2003; SARMENTO, TORRES; SOUSA, 2006; GONÇALVES et al., 2011; SILVA et al., 2011).

Os parâmetros dos modelos não lineares para as curvas de crescimento são biologicamente interpretáveis, e permitem obter informações relevantes nos pontos principais do desenvolvimento ponderal dos animais, auxiliando na maximização do sistema de produção (MEYER et al., 1995; FORNI et al., 2007; IBÁÑEZ-ESCRICHE; BLASCO, 2010).

Os benefícios do uso desses modelos para o melhoramento genético animal seriam a estimação dos parâmetros para as curvas de crescimento, permitindo a identificação dos indivíduos superiores a determinados fins (BLASCO et al., 2003; AGREY, 2009).

Através das estimativas genéticas (correlações genéticas e herdabilidade) dos parâmetros das curvas de crescimento é possível prever a quantidade de ganho genético que poderá ser alcançada por meio da seleção, além de definir e orientar os processos seletivos nas características de interesse, de maneira a

conferir-lhe máxima eficiência em um programa de melhoramento animal (BRACCINI NETO et al., 1997; GAYA et al., 2006; BASSO et al., 2012).

Desta forma os objetivos deste trabalho foram comparar as funções das curvas de crescimento: Von Bertalanffy, Gompertz, Logística, Richards e Brody. Considerando-se os modelos ajustados pelos métodos dos Mínimos Quadrados Ordinários (QMO) e Quadrados Mínimos Ponderados (QMP), a dados de peso vivo das linhagens experimentais de frango caipira: 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado. Ao selecionar a curva de crescimento que melhor descreva o padrão de crescimento. E a partir desta, estimar os componentes genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) dos parâmetros destas funções sob análise bicaracterística.

5.2 Material e Métodos

Foram utilizadas informações referentes aos pesos corporais de quatro linhagens experimentais de frango caipira do programa de melhoramento denominado “Frango Feliz”, desenvolvido pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), que foram descritas por Savino et al. (2007) e Coelho et al. (2008):

- i) Caipirão da ESALQ (RÃO): linhagem de corte e postura, e de fenótipos variados para cor de plumagem. Apresenta, em média, peso vivo de 3,28 kg, conversão alimentar de 2,82, e 72,66% de rendimento de carcaça aos 84 dias (Figura 1);
- ii) 7P: linhagem de corte e postura, e de plumagem preta, em torno de 25% da população apresenta o fenótipo do pescoço pelado. Aos 84 dias apresenta em média peso vivo de 3,19 kg, conversão de 2,66e rendimento de carcaça de 73,24%. A sigla do nome tem origem de Pinto Preto Pesado de Pasto de Pescoço Pelado de Piracicaba (Figura 2);
- iii) Caipirinha da ESALQ (INHA): linhagem de dupla aptidão (corte e postura), e de fenótipos variados para cor de plumagem, apresentando o fenótipo que confere topete e/ou fenótipo do pescoço pelado. Aos 84 dias de idade, em média, pesa 2,42 kg, com conversão alimentar de

2,66, e rendimento de carcaça de 70,25%, possui produção de até 240 ovos por ciclo (Figura 3);

- iv) Carijó Barbada (JÓ): linhagem de dupla aptidão (corte e postura), e plumagem do tipo barrada, apresentando o gene que confere barba e costeletas. Apresenta aos 84 dias de idade, peso médio de 2,20 kg, conversão alimentar de 2,69, e 69,60% de rendimento de carcaça, com produção de até 240 ovos por ciclo (Figura 4).

Figura 1 - Linhagem Caipirão da ESALQ (macho, fêmea e pintinhos)

Figura 2 - Linhagem 7P (macho, fêmea e pintinho)

Figura 3 - Linhagem Caipirinha da ESALQ (macho, fêmea e pintinhos)

Figura 4 - Linhagem Carijó Barbado (macho, fêmea e pintinho)

Tradicionalmente, o programa “Frango Feliz”, utilizava para o sistema de reprodução a inseminação artificial, e fazia o uso da mistura do sêmen de vários galos da mesma linhagem para fecundar as galinhas, não havendo controle de paternidade ou maternidade; logo não existe histórico e *pedigree* anteriores à geração utilizada neste estudo. Sendo a seleção das aves reprodutoras, realizada exclusivamente pelo fenótipo, de acordo com padrão racial de cada linhagem, e o peso aos 42 dias de idade.

Para o projeto foram utilizadas as aves que já estavam em ciclo reprodutivo, não havendo identificação de seus progenitores. O grupo de parentais foi composto por 194, 335, 172, e 202 para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1 – Relação dos progenitores utilizados para as linhagens estudadas

Linhagem	Progenitores	Progenitoras
7P	43	151
Caipirão da ESALQ	73	262
Caipirinha da ESALQ	42	130
Carijó Barbado	49	153

As aves foram individualmente identificadas para adequada escrituração do *pedigree*, com identificação do grupo de acasalamento e linhagem, e foram separadas em famílias, tendo em torno de quatro fêmeas e um macho.

As aves reprodutoras foram alojadas em gaiolas individuais para permitir o controle reprodutivo com o uso de inseminação artificial. As fêmeas foram inseminadas duas vezes por semana e o período de coleta de ovos foi de 21 dias. Após a postura, os ovos foram identificados com informação dos parentais e linhagem, e foram armazenados em sala com ambiente controlado para permitir a viabilidade do embrião, por até 21 dias.

A quantidade de ovos incubados foram 1.593, 2.295, 1.548 e 1.783, para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente. As aves utilizadas foram obtidas por meio de uma única incubação de 21 dias em incubadoras industriais, disponíveis na própria instituição.

Ao nascimento as aves foram identificadas por meio de uma anilha de pé numerada (Figura 5), a qual era provisória devido à fragilidade das asas dos pintinhos de um dia, que não permitia a utilização imediata da anilha permanente de asa (Figura 6). A partir da numeração era possível localizar todas as informações do indivíduo. As aves foram vacinadas, conforme recomendação, e então alojadas em um galpão separadas por linhagem onde receberam ração (conforme formulações de Rostagno et al., 2005 para frangos de corte), e água *ad libitum*.

Figura 5 - Anilha de pé

Figura 6 - Anilha de asa

A partir do 3º dia até o 9º dia de idade, houve a substituição das anilhas de pé, pelas anilhas de asa, as numerações também foram trocadas, entretanto, mantiveram-se as informações originais anteriores.

A partir dos 20 dias de idade as aves passaram a ter acesso a uma área externa (piquete) com cobertura vegetal (constituída predominantemente de grama *coast-cross* (*Cynodon dactylon*)), novamente separadas por linhagem, caracterizando um sistema semi-extensivo. Aos 42 dias de idade, as aves passaram por processo de seleção, para compor o plantel dos novos reprodutores. A seleção ocorreu nessa faixa etária devido a melhor facilidade de sexagem destas aves atribuído ao dimorfismo sexual.

O peso corporal e padrão fenotípico foram usados como critérios de seleção, e procurou-se ter ao menos um representante de cada progenitor. Para a linhagem Caipirã da ESALQ, foram selecionados indivíduos de fenótipo variados para cor de plumagem (Figura 7). Os indivíduos selecionados para a

linhagem 7P foram de penas negras (Figura 8a), e em torno de 25% das aves possuíam pescoço pelado (Figura 8b).

Figura 7 - Fenótipos Caipirão da ESALQ

Figura 8a - Fenótipo 7P

Figura 8b - Linhagem 7P com fenótipo do pescoço pelado

Para a linhagem Caipirinha foram selecionados indivíduos de fenótipos variados para plumagem (Figura 9a), e em torno de 20% dos indivíduos possuíam pescoço pelado (Figura 9b), e 70% topete (Figura 9c). O padrão fenotípico das aves selecionadas para linhagem Carijó Barbado foi barrado (Figura 10a) em torno de 90% dos indivíduos possuíam o gene que confere barba e costeleta (Figura 10b).

Figura 9a – Fenótipos Caipirinha da ESALQ

Figura 9c - Linhagem Caipirinha da ESALQ com fenótipo do topete

Figura 9b - Linhagem Caipirinha da ESALQ com fenótipo do pescoço pelado

Figura 10a - Fenótipos Carijó Barbado

Figura 10b - Carijó Barbado com fenótipo da barba e costeletas

Para a seleção das aves, machos e fêmeas, baseada no peso vivo, deu-se preferência para os indivíduos que se encontrassem entre o intervalo do primeiro e terceiro quartil dos dados observados para cada linhagem aos 42 dias de idade (Tabela 2).

Tabela 2 – Pesos vivo (g) utilizados para a seleção de machos e fêmeas das linhagens estudadas

Linhagem	1º Quartil		Mediana		3º Quartil	
	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
7P	1.252	1.046	1.369	1.155	1.468	1.256
Caipirão da ESALQ	1.250	1.085	1.368	1.187	1.481	1.283
Caipirinha da ESALQ	948	720	1.057	875	1.160	964
Carijó Barbado	950	791	1.035	874	1.111	947

No entanto, por se desejar que houvesse um representante de cada reprodutor, algumas aves estiveram com o peso abaixo ou acima deste intervalo, pois se desejava que as aves tivessem grande variabilidade de peso. Para a linhagem 7P, RÃO, INHA e JÓ foram selecionadas 486, 650, 410 e 481 aves, respectivamente. As aves selecionadas foram transferidas para o galpão de recria onde permaneceram em gaiolas individuais (sistema confinado), sem controle de temperatura, e com programa de luz, e alimentação restrita para adaptação e início da postura. As aves recebiam em torno de 70 a 90 gramas de ração por dia, formulada conforme recomendações de Rostagno et al., (2005) para frangos de postura.

Adicionalmente, foi selecionada uma parcela de 173 aves da linhagem 7P, 219 aves da linhagem RÃO, 98 aves da linhagem INHA e 115 aves da linhagem

JÓ, as quais foram mantidas no sistema semi-extensivo até aos 85 dias de idade. Os critérios de seleção foram os mesmos citados anteriormente. Ao término deste experimento, foram contabilizadas 11 pesagens para as linhagens 7P, Caipirão da ESALQ e Carijó Barbado, e 10 pesagens para a linhagem Caipirinha da ESALQ.

Para a linhagem 7P, as pesagens foram realizadas nas idades: 1, 7, 21, 29, 36, 42, 56, 57, 63, 64, 69, 76, 83 e 84 dias. Nas idades 1, 7, 29, 42, 69 e 76 dias todas as aves presentes no experimento foram pesadas. Nas idades 21 e 36 uma amostra correspondendo a cerca de metade das aves foi mensurada. Durante as pesagens das idades 56 e 57 dias todas as aves foram mensuradas, o mesmo correu nas idades 63 a 64 dias e 83 a 84 dias. As aves da linhagem Caipirão da ESALQ foram mensuradas nas idades: 1, 7, 21, 28, 35, 43, 56, 62, 63, 70, 76, 77, 83 e 84 dias. Nas idades 1, 7, 28, 43, 56 e 70 dias todas as aves foram pesadas. Nas idades 21 e 35 uma amostra correspondendo a cerca de metade das aves foi mensurada. Nas idades 62 a 63; 76 a 77; 83 a 84 dias todas as aves foram mensuradas.

A linhagem Carijó Barbado foi mensurada nas seguintes idades: 1, 7, 21, 28, 35, 43, 56, 57, 63, 64, 69, 70, 76, 77, 83, 84 e 85 dias. Nas idades 1, 7, 28 e 43 dias todas as aves foram mensuradas. Nas idades 21 e 35 uma amostra que representava em torno metade das aves foi pesada. Nas idades 56 e 57; 63 a 64; 69 a 70; 76 a 77; 83, a 85 dias todas as aves foram mensuradas. Para a linhagem Caipirinha da ESALQ as pesagens ocorreram nas idades: 1, 7, 21, 29, 35, 42, 62, 63, 64, 69, 70, 76, 77, 83 e 85 dias. Nas idades 1, 7, 29 e 42 dias todas as aves foram mensuradas. Nas idades 21 e 35 uma amostra correspondendo em torno de metade das aves foi pesada. Nas idades de 62 a 64; 69 a 70; 76 a 77; 83 a 85 dias todas as aves foram mensuradas.

Após o término das pesagens os dados foram processados, e foi realizado a remoção de *outliers* por meio do *software* Statistical Analyses System (SAS), versão 9.2. Foram considerados *outliers* valores repetidos de mensuração, e observações que apresentaram um grande afastamento da média ou eram inconsistentes. As idades para as quatro linhagens foram padronizadas e os pesos corporais corrigidos, para as seguintes idades em dias: 1 (PN), 7 (P7), 21 (P21), 28 (P28), 35 (P35), 42 (P42), 56 (P56), 63 (P63), 70 (P70), 77 (P77) e 84 (P84). As aves que não tinham informação de sexo ou menos de três medidas

foram descartadas para estas análises. A medida P56 não foi realizado para a linhagem Caipirinha da ESALQ. O número de medidas por animal variou de três a onze.

Os pesos nas diferentes idades foram submetidos à análise de variância para verificar se houve efeito de sexo e sistema sobre o ganho de peso vivo das quatro linhagens estudadas, utilizando-se o procedimento PROC MIXED do programa estatístico SAS. Para esta análise foi utilizado o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + B_j + (AB)_{ij} + C_k + e_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = é valor da observação do i -ésimo sexo, no j -ésimo sistema de criação da prole do k -ésimo progenitor

μ = média geral

A_i = efeito do i -ésimo sexo

B_j = efeito do j -ésimo sistema de criação

$(AB)_{ij}$ = efeito da interação entre o i -ésimo sexo e o j -ésimo sistema

C_k = efeito do k -ésimo galo, assumindo $C_k \sim \text{NID}(0, \sigma_C^2)$

e_{ijk} = erro experimental, assumindo $e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$

Foram ajustados ao conjunto de dados de peso-idade das linhagens de frango caipira, cinco modelos não lineares (Tabela 3): Brody, von Bertalanffy, Richards, Logístico e Gompertz para descrever o crescimento em função da idade.

Tabela 3 – Forma geral dos modelos não lineares usados para o ajuste de curvas de crescimento, do nascimento até aos 84 dias de idade, de quatro linhagens de frangos caipiras

Modelo	Forma Geral
Brody	$y_t = A(1 - be^{-kt}) + \varepsilon$
von Bertalanffy	$y_t = A(1 - be^{-kt})^3 + \varepsilon$
Richards	$y_t = \frac{A}{(1 + e^{(b-kt)})^{\frac{1}{m}}}$
Logístico	$y_t = A(1 + be^{-kt})^{-1} + \varepsilon$
Gompertz	$y_t = Ae^{(-e^{(b-kt)})} + \varepsilon$

Nos modelos não lineares, y_t representa o peso do animal em uma determinada idade (t , em dias); A é o peso assintótico do animal, ou seja, o peso adulto equivalente a $t \rightarrow \infty$; k mede a variação na velocidade do crescimento e está associada à taxa de maturidade, sendo que valores pequenos de k sugerem que o animal é tardio; b é a constante de integração, tem a função de modelar a forma da curva de crescimento para um formato sigmoidal, porém não tem interpretação biológica; m é uma constante, presente explicitamente no modelo Richards, e é denominado de parâmetro de inflexão, e refere-se ao ponto em que o animal passa de uma fase de crescimento acelerado para uma fase de crescimento inibitório, indicando o ponto a partir do qual a eficiência da taxa de crescimento começa a diminuir.

Consideraram-se ajustes médios para as fêmeas e os machos, cujas estimativas foram obtidas através dos seguintes métodos: Quadrados Mínimos Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*), utilizando o procedimento NLIN do programa SAS, sendo as estimativas dos parâmetros obtidos por meio de processo iterativo de *Gauss-Newton* para modelos não lineares (HARTLEY, 1961). O *QMP* considera a heterogeneidade entre as variâncias dos pesos corporais, enquanto que o *QMO* considera variância homogênea.

A heterogeneidade de variâncias exigiu a adoção de um modelo ponderado pelo inverso da variância dos pesos-idade observados. Para executar a ponderação, foram calculadas as variâncias dos pesos em cada pesagem. O inverso dessas variâncias foi utilizado como fator de ponderação pela opção “WEIGHT” do procedimento NLIN do software SAS.

O critério de convergência para as estimativas foi considerado quando $(SQRj^{-1} - SQRj) / (SQRj + 10^{-6}) \leq 10^{-8}$, em que $SQRj$ é a soma de quadrados residual na j -ésima iteração.

Os critérios utilizados para a seleção do modelo mais adequado foram o percentual de convergência, o coeficiente de determinação ajustado, o quadrado médio do resíduo (*QMR*) e erro de predição médio (*EPM*).

O coeficiente de determinação ajustado foi calculado por:

$$R_{ajustado}^2 = 1 - \left(\frac{SQR}{SQTc} \right)$$

em que SQR é a soma de quadrados do resíduo e $SQTc$, a soma de quadrados total corrigida para o número de parâmetros do modelo. Todavia, o $R^2_{ajustado}$ deve ser utilizado com cautela na avaliação da qualidade do ajuste, pois, no caso de modelos não lineares, a soma dos resíduos não é necessariamente igual a zero e a soma dos quadrados dos resíduos mais a soma dos quadrados da regressão não é necessariamente igual à soma total dos quadrados, o que pode afetar o coeficiente de determinação (SILVA et al., 2011).

O cálculo do erro de predição (EP) se deu pela seguinte fórmula:

$$EP = \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y})$$

em que y corresponde ao peso observado e $\hat{y}$ ao peso estimado nas n pesagens. Valores positivos para EP indicam subestimativas, e valores negativos para EP indicam superestimativas do peso estimado.

Barbato (1991) e Mignon-Grasteau et al. (1999) mostraram que os parâmetros da curva de crescimento, descrevendo a relação peso e idade em frangos de corte, eram hereditárias. Estimativas genéticas (herdabilidades e correlações genéticas) dos parâmetros da curva de crescimento são necessárias em programas de melhoramento para que seja possível prever o ganho genético que poderá ser alcançado nos parâmetros, além de auxiliar nos critérios de seleção que serão utilizados, melhorando a eficiência dos programas de melhoramento (BRACCINI NETO et al., 1996).

Para os modelos que tiveram melhor ajuste foram estimados os componentes de (co) variância para os parâmetros A e k , os quais foram gerados individualmente, com os critérios citados acima. As análises genéticas foram realizadas pela metodologia dos modelos lineares clássicos, utilizando o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) sob o modelo animal. As estimativas dos componentes de (co) variância foram sob análises bicaracterísticas por meio do software ASREML.

Para a estimação dos componentes de variância e dos valores genéticos dos animais nas análises bicaracterísticas foi usado o seguinte modelo matemático:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

em que:

y_1 é o vetor das observações da 1ª característica;

y_2 é o vetor das observações da 2ª característica;

X_1, X_2 compõem a matriz de incidência dos efeitos fixos para a 1ª e a 2ª característica, associando os elementos de b_1, b_2 a y_1, y_2 ;

b_1, b_2 compõem o vetor de efeitos fixos para a 1ª e a 2ª característica;

Z_1, Z_2 compõem a matriz de incidência dos efeitos aleatórios para a 1ª e a 2ª característica, associando os elementos de u_1, u_2 a y_1, y_2 ;

u_1, u_2 compõem o vetor de efeitos aleatórios;

e_1, e_2 compõem o vetor de efeitos de resíduos inerentes às observações, $NID(0, \sigma_e^2)$.

As correlações genéticas e fenotípicas, e também herdabilidades, assim como seus erros-padrões foram obtidas a partir das análises bicaracterísticas.

5.3 Resultados e Discussão

Da incubação nasceram 1.215, 2.264, 1.071 e 1.078 pintinhos para 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente. Muitas aves perderam a informação de progenitores devido à perda da anilha, principalmente na primeira semana de vida, e em menor proporção, devido à mortalidade e erros de anotações. Estas aves receberam nova identificação, porém, perderam todas as informações referentes à família e de pesagens anteriores. O número de ovos incubados, a taxa de eclosão, os totais de pintos nascidos em função do sexo, estão descritos na Tabela 4.

Tabela 4 – Relação de ovos incubados, taxa de eclosão (%), totais de pintos nascidos e sexo

Linhagem	Ovos Incubados	Taxa de Eclosão (%)	Nascimentos	Macho	Fêmea	SNI
7P	1.593	76	1.215	469	465	281
Caipirão da ESALQ	2.995	76	2.264	840	837	587
Caipirinha da ESALQ	1.548	69	1.071	372	428	271
Caijó Barbado	1.783	60	1.078	403	400	275

SNI = Sexo não identificado

Os dados utilizados, após limpeza do banco, para as linhagens estudadas foram constituído por 7.514, 10.877, 5.670 e 6.368 informações referentes ao peso vivo das linhagens 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Caijó

Barbado, respectivamente. Provenientes de 934, 1.677, 800 e 803 aves das mesmas linhagens acima citadas, respectivamente. Informações da estatística descritiva dos pesos utilizados nesse estudo estão presentes nas Tabelas 5, 6, 7 e 8.

Tabela 5 – Estatística descritiva das variáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros das curvas de crescimento para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem 7P

Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
PN	433	438	43	42	4	4	30	31	55	58
P7	464	447	107	100	12	12	60	65	134	130
P21	175	216	413	374	60	60	260	173	560	529
P28	452	449	740	656	104	96	242	224	1.023	916
P35	190	201	1.076	948	140	137	480	420	1.429	1.298
P42	466	448	1.357	1.147	190	170	727	435	1.869	1.700
P56	241	386	1.637	1.308	224	213	1.120	747	2.340	2.190
P63	241	388	1.678	1.390	358	263	1.093	728	2.770	2.400
P70	242	386	1.780	1.490	373	258	1.146	761	2.749	2.790
P77	245	387	1.795	1.458	503	322	1.064	679	3.009	2.928
P84	239	380	1.957	1.553	575	365	911	670	3.370	3.158

Tabela 6 – Variáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros das curvas de crescimento para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Caipirão da ESALQ

Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
PN	648	678	39	39	3	3	30	27	50	52
P7	636	663	113	109	14	15	29	36	149	177
P21	290	336	436	397	62	57	209	170	588	531
P28	718	741	719	638	93	94	342	210	995	898
P35	271	328	961	850	137	126	449	286	1.391	1.164
P42	735	747	1.362	1.177	183	176	635	327	1.840	1.709
P56	361	481	1.767	1.536	183	148	1.190	960	2.410	2.220
P63	340	475	1.840	1.483	278	183	1.250	843	2.570	2.470
P70	342	454	1.862	1.528	307	181	1.318	780	2.607	2.607
P77	349	471	1.919	1.515	367	212	1.297	648	2.736	2.634
P84	338	475	2.012	1.606	459	237	1.384	800	3.198	2.783

Tabela 7 – Variáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros das curvas de crescimento para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Caipirinha da ESALQ

Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
PN	368	405	39	39	4	3	31	26	51	47
P7	345	373	96	91	12	11	53	55	129	123
P21	144	195	347	311	49	41	199	205	479	405
P28	363	416	588	514	81	68	238	287	852	770
P35	152	193	836	716	119	102	365	400	1.223	1.011
P42	376	391	1.052	884	162	141	374	496	1.639	1.356
P63	166	333	1.570	1.214	191	167	1.063	620	2.150	2.010
P70	164	314	1.612	1.324	249	161	980	670	2.310	2.151
P77	168	323	1.705	1.325	280	176	1.003	910	2.492	2.401
P84	163	318	1.763	1.299	405	219	881	929	3.279	2.611

Tabela 8 – Variáveis utilizadas na estimativa dos parâmetros das curvas de crescimento para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Carijó Barbado

Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
PN	370	366	40	40	4	3	26	30	53	50
P7	369	362	100	94	11	12	61	53	130	131
P21	169	176	345	308	43	42	204	133	458	400
P28	394	387	562	499	65	66	295	184	758	706
P35	163	183	762	665	85	95	521	439	1.006	970
P42	403	390	1.026	872	127	130	540	489	1.428	1.377
P56	258	292	1.255	1.047	166	156	766	520	1.751	1.580
P63	214	319	1.344	1.121	212	178	660	520	1.910	1.830
P70	204	312	1.451	1.205	206	179	913	640	1.968	1.816
P77	207	314	1.512	1.260	260	190	900	750	2.178	1.955
P84	200	316	1.606	1.249	331	224	940	712	2.419	2.227

Os pesos observados entre o peso ao nascimento (PN) e aos 42 dias de idade aumentaram gradativamente, para todas as linhagens em ambos os sexos. Por meio dos valores destas mesmas tabelas, os pesos observados entre os 56 e aos 84 dias de idade apresentaram instabilidade no ganho de peso vivo. Os machos, para todas as linhagens, em ambos os sexos, apresentaram baixo ganho de peso médio populacional ao longo dos dias. Já as fêmeas apresentaram perda de peso médio populacional. Aos 63 dias de idade as fêmeas da linhagem RÃO tiveram redução do peso médio, no entanto, houve ganho de peso médio populacional aos 70 dias de idade, e apresentaram o mesmo comportamento para o peso médio aos 77 e 84 dias de idade, respectivamente. As fêmeas da linhagem 7P também apresentaram perda de peso médio aos 77 dias de idade com ganho de peso médio aos 84 dias de idade

para a população. As fêmeas da linhagem JÓ apresentaram perda de peso médio aos 84 dias de idade, última mensuração trabalhada. As fêmeas da linhagem INHA não apresentaram perda de peso, porém, houve pouca variação de peso entre os 70 e 77 dias de idade. Nas Tabelas 9, 10, 11 e 12 constam as medidas longitudinais de peso corporal separadas por sistema de criação, semi-extensivo e gaiola.

Tabela 9 – Estatística descritiva por sistema de criação para pesos os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem 7P

Sistema Semi-Extensivo										
Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
P56	91	67	1.839 ^{aA}	1.584 ^{bA}	198	236	1.120	1.020	2.340	2.190
P63	93	68	2.057 ^{aA}	1.811 ^{bA}	257	249	1.270	1.240	2.770	2.400
P70	91	66	2.203 ^{aA}	1.886 ^{bA}	220	263	1.562	1.197	2.749	2.790
P77	93	68	2.386 ^{aA}	2.028 ^{bA}	256	285	1.601	1.317	3.009	2.928
P84	93	67	2.616 ^{aA}	2.210 ^{bA}	301	316	1.822	1.397	3.370	3.158
Gaiolas										
P56	150	319	1.515 ^{aB}	1.250 ^{bB}	130	155	1.135	747	1.830	1.820
P63	148	320	1.440 ^{aB}	1.301 ^{bB}	141	158	1.093	728	1.801	1.792
P70	151	320	1.525 ^{aB}	1.408 ^{bB}	146	165	1.146	761	1.968	1.948
P77	152	319	1.433 ^{aB}	1.337 ^{bB}	146	157	1.064	679	1.874	1.905
P84	146	313	1.538 ^{aB}	1.412 ^{bB}	172	167	911	670	2.115	1.953

Letras distintas, minúsculas na mesma linha e maiúsculas na mesma coluna, indicam médias diferentes pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

Tabela 10 – Estatística descritiva por sistema de criação para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Caipirão da ESALQ

Característica	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
Sistema Semi-Extensivo										
P56	153	58	1.850 ^{aA}	1.580 ^{bA}	187	239	1.330	1.140	2.410	2.220
P63	144	58	2.080 ^{aA}	1.773 ^{bA}	212	224	1.570	1.340	2.570	2.470
P70	143	56	2.155 ^{aA}	1.795 ^{bA}	204	245	1.633	1.299	2.607	2.607
P77	143	56	2.299 ^{aA}	1.894 ^{bA}	228	288	1.621	1.135	2.736	2.634
P84	145	59	2.487 ^{aA}	2.060 ^{bA}	259	290	1.812	1.265	3.198	2.783
Gaiolas										
P56	208	423	1.706 ^{aB}	1.530 ^{bB}	155	130	1.190	960	2.190	1.970
P63	196	417	1.664 ^{aB}	1.443 ^{bB}	168	133	1.250	843	2.100	1.940
P70	199	398	1.651 ^{aB}	1.491 ^{bB}	162	132	1.318	780	2.272	1.880
P77	206	415	1.655 ^{aB}	1.463 ^{bB}	147	134	1.297	648	2.130	1.870
P84	193	416	1.654 ^{aB}	1.541 ^{bB}	144	138	1.384	800	2.156	1.903

Letras distintas, minúsculas na mesma linha e maiúsculas na mesma coluna, indicam médias diferentes pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

Tabela 11 – Estatística descritiva por sistema de criação para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Caipirinha da ESALQ

Sistema Semi-Extensivo										
Característica	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
63	65	30	1.660 ^{aA}	1.416 ^{bA}	194	274	1.080	950	2.150	2.010
70	64	29	1.833 ^{aA}	1.513 ^{bA}	199	257	1.390	1.025	2.310	2.151
77	66	28	1.968 ^{aA}	1.615 ^{bA}	216	306	1.479	1.104	2.492	2.401
84	63	29	2.178 ^{aA}	1.781 ^{bA}	295	347	1.589	1.154	3.279	2.611
Gaiolas										
63	101	303	1.512 ^{aB}	1.194 ^{bB}	166	137	1.063	620	1.941	1.605
70	100	285	1.471 ^{aB}	1.305 ^{bB}	158	134	980	670	1.920	1.780
77	102	295	1.535 ^{aB}	1.297 ^{bB}	159	129	1.003	910	1.864	1.680
84	100	289	1.501 ^{aB}	1.250 ^{bB}	186	124	881	929	1.930	1.581

Letras distintas, minúsculas na mesma linha e maiúsculas na mesma coluna, indicam médias diferentes pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

Tabela 12 – Estatística descritiva por sistema de criação para os machos (M) e fêmeas (F) da linhagem Carijó Barbado

Imagem Canje Barbado										
	N		Média (g)		Desvio Padrão		Mínimo		Máximo	
Sistema Semi-Extensivo										
Característica	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
56	81	32	1.409 ^{aA}	1.222 ^{bA}	147	177	1.034	838	1.751	1.580
63	78	30	1.507 ^{aA}	1.322 ^{bA}	198	224	970	880	1.910	1.830
70	75	30	1.614 ^{aA}	1.401 ^{bA}	194	218	1.045	933	1.968	1.816
77	75	30	1.766 ^{aA}	1.522 ^{bA}	208	237	1.216	1.094	2.178	1.955
84	75	29	1.946 ^{aA}	1.669 ^{bA}	243	261	1.225	1.133	2.419	2.227
Gaiolas										
56	177	260	1.185 ^{aB}	1.026 ^{bB}	122	139	766	520	1.503	1.453
63	136	289	1.250 ^{aB}	1.100 ^{bB}	155	159	660	520	1.644	1.654
70	129	282	1.357 ^{aB}	1.184 ^{bB}	145	161	913	640	1.755	1.643
77	132	284	1.368 ^{aB}	1.232 ^{bB}	156	162	900	750	1.820	1.740
84	125	287	1.403 ^{aB}	1.207 ^{bB}	171	169	940	712	1.860	1.730

Letras distintas, minúsculas na mesma linha e maiúsculas na mesma coluna, indicam médias diferentes pelo teste de Tukey ($p < 0,05$)

Foi observado que o sistema e o sexo influenciaram sobre desenvolvimento das aves para todas as linhagens estudadas. Essa variação foi devida ao manejo alimentar implantado para as aves alojadas nas gaiolas, onde permaneceram em maior número, e recebiam alimentação restrita, que variava entre 70 a 90 gramas, influenciando assim na média geral dos pesos observados.

De maneira geral, as aves que estavam alojadas nas gaiolas tiveram grande oscilação de peso vivo para todas as linhagens e ambos os sexos, enquanto que as aves do sistema semi-extensivo tiveram aumento gradual de

peso, e possuíam maiores pesos médios por idades observadas em relação às aves confinadas.

Dentre as cinco funções não lineares ajustadas, apenas o modelo Brody ponderado não convergiu, isso ocorreu com todas as linhagens avaliadas. Com base nos valores dos coeficientes de determinação ajustado ($R^2_{ajustado}$), que independente da ponderação, os ajustes foram semelhantes para os modelos estudados (Tabela 13).

Tabela 13 - Coeficiente de determinação ajustado ($R^2_{ajustado}$), quadrado médio do resíduo (QMR) e erro de predição médio (EPM) para os modelos von Bertalanffy, Logístico, Brody Richards e Gompertz não ponderados (NP - QMO) e ponderados (P - QMP), ajustados aos dados peso-idade, do nascimento até 84 dias de idade, de fêmeas e machos das linhagens 7P, Caipirão da ESALQ (RÃO), Caipirinha da ESALQ (INHA) e Carijó Barbado (JÓ)

Linhagem	R ² ajustado				QMR				EPM			
	NP		P		NP		P		NP		P	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
von Bertalanffy												
7P	0,87	0,87	0,84	0,84	74.484	45.947	1,59	1,13	19,57	13,56	-3,65	-3,59
Rão	0,92	0,93	0,90	0,91	48.095	25.279	1,26	0,96	22,65	21,45	-2,92	-3,22
Inha	0,92	0,91	0,92	0,90	30.156	17.936	1,21	0,82	14,90	14,61	-1,98	-2,00
Jó	0,92	0,91	0,92	0,90	25.061	19.612	1,09	0,91	9,93	8,40	-1,95	-2,50
Logístico												
7P	0,87	0,87	0,87	0,87	73.314	45.257	1,08	0,78	4,82	2,52	-3,43	-3,24
Rão	0,90	0,91	0,92	0,93	46.244	23.584	1,09	0,82	7,33	9,93	-1,97	-2,39
Inha	0,93	0,91	0,92	0,90	29.440	17.187	1,01	0,66	-0,80	2,45	-1,98	1,92
Jó	0,93	0,91	0,92	0,90	24.762	19.220	0,94	0,79	-2,23	-0,84	-1,46	-2,02
Brody												
7P	0,85	0,86	NC	NC	82.527	50.757	NC*	NC*	16,89	10,94	NC*	NC*
Rão	0,92	0,94	NC	NC	58.969	33.565	NC*	NC*	23,58	18,03	NC*	NC*
Inha	0,91	0,90	NC	NC	34.647	21.374	NC*	NC*	15,90	11,97	NC*	NC*
Jó	0,91	0,90	NC	NC	28.284	21.990	NC*	NC*	12,35	8,44	NC*	NC*
Richards												
7P	0,87	0,87	0,87	0,87	73.262	45.345	1,07	0,76	0,46	0,35	-3,17	-2,82
Rão	0,92	0,94	0,92	0,93	45.732	22.550	1,06	0,81	-6,13	-8,92	-2,40	-2,72
Inha	0,93	0,91	0,93	0,91	29.448	17.099	1,00	0,66	-2,19	-3,18	-2,09	-1,98
Jó	0,93	0,91	0,93	0,91	24.742	19.225	0,93	0,78	0,50	-1,32	-1,68	-2,17
Gompertz												
7P	0,87	0,87	0,86	0,87	73.519	45.371	1,16	0,84	9,54	6,09	-3,76	-3,60
Rão	0,92	0,94	0,92	0,93	46.659	23.988	1,06	0,05	12,85	14,57	-2,43	-2,81
Inha	0,93	0,91	0,93	0,91	29.534	17.343	1,00	0,67	4,30	6,55	-2,14	-2,09
Jó	0,93	0,91	0,93	0,91	24.740	19.272	0,93	0,79	1,77	2,39	-1,75	-2,30

NC = Não convergiu

O $R_{ajustado}^2$ não é um bom parâmetro para a escolha dos modelos, devido aos seus altos valores obtidos para todas as linhagens deste estudo em todas as funções utilizadas. Na literatura, elevados valores de $R_{ajustado}^2$ foram encontrados em aves por Knížetová et al. (1995) e Braccini Neto (1996), em peixes por Santos et al. (2007), em bovinos por De Nise e Brinks (1985), Mazzini et al. (2005) e Silva et al. (2011), e em ovinos por Guedes et al. (2004).

Observa-se que a ponderação (QMP) proporcionou redução significativa na variabilidade das estimativas dos QMR 's para todas as linhagens e em ambos os sexos, sendo que os modelos Gompertz, Richards e Logístico apresentaram as menores médias para os machos e as fêmeas de todas as linhagens. A ponderação diminuiu, também, os valores do EPM para todos os modelos em todas as linhagens. Efeitos semelhantes foram encontrados por Mazzini et al. (2003, 2005) e Silva et al. (2011). Para os modelos ponderados (QMO), a função Brody não convergiu para nenhuma das linhagens estudadas.

No modelo Gompertz e Logístico, para as linhagens RÃO e INHA, macho e fêmea, independentemente do uso da ponderação, o EPM foi negativo, o que indica superestimação dos pesos observados. Para o modelo von Bertalanffy para as linhagens JÓ, RÃO e INHA, em ambos os sexos, o modelo não ponderado (QMO) subestimou os pesos observados, enquanto que a ponderação superestimou estes valores. O mesmo aconteceu para o modelo Logístico, para as linhagens RÃO, JÓ e 7P, e para o modelo Gompertz para a linhagem 7P, novamente nos dois sexos.

No modelo Logístico para a linhagem INHA, para os machos, independente da ponderação, superestimaram os valores observados, e para as fêmeas, ocorreu o inverso. Ainda para a mesma linhagem, no modelo Gompertz, para os machos, a não ponderação subestimou os valores observados, enquanto que a ponderação superestimou estes valores. Entretanto, para as fêmeas, o modelo não ponderado e ponderado superestimaram os valores observados.

A causa para a contradição entre os resultados encontrados neste trabalho pode ser atribuída a fatores como tamanho do conjunto de dados, existência de valores influenciasais ou *outliers* ou ainda as diferenças entre as linhagens estudadas.

Com as curvas de crescimento geradas pelas médias dos pesos corporais observados nas diferentes classes de idades e com os pesos estimados a partir dos parâmetros dos modelos, nas mesmas classes de idade, é possível comparar graficamente o ajuste de cada modelo em relação aos pesos observados para os machos e fêmeas (Figuras 11, 12, 13, 14).

Figura 11 – Ajuste gráfico dos pesos em função da idade, pesos observados (●) e ajustados pelos modelos von Bertalanffy (—), Gompertz (—), Logístico (—), Richards (—) e Brody (—), pelo método dos quadrados mínimos ordinários (*QMO*) e quadrados mínimos ponderados (*QMP*) para machos e fêmeas da linhagem 7P, do nascimento até os 84 dias de idade

Figura 12 – Ajuste gráfico dos pesos em função da idade, pesos observados (●) e ajustados pelos modelos von Bertalanffy (—), Gompertz (—), Logístico (—), Richards (—) e Brody (—), pelo método dos quadrados mínimos ordinários (*QMO*) e quadrados mínimos ponderados (*QMP*) para machos e fêmeas da linhagem Caipirão da ESALQ (RÃO), do nascimento até os 84 dias de idade

Figura 13 – Ajuste gráfico dos pesos em função da idade, pesos observados (●) e ajustados pelos modelos von Bertalanffy (—), Gompertz (—), Logístico (—), Richards (—) e Brody (—), pelo método dos quadrados mínimos ordinários (*QMO*) e quadrados mínimos ponderados (*QMP*) para machos e fêmeas da linhagem Caipirinha da ESALQ (INHA), do nascimento até os 84 dias de idade

Figura 11 – Ajuste gráfico dos pesos em função da idade, pesos observados (●) e ajustados pelos modelos von Bertalanffy (—), Gompertz (—), Logístico (—), Richards (—) e Brody (—), pelo método dos quadrados mínimos ordinários (*QMO*) e quadrados mínimos ponderados (*QMP*) para machos e fêmeas da linhagem Carijó Barbado (JÓ), do nascimento até os 84 dias de idade

Em geral, os modelos não ponderados subestimaram os pesos iniciais, na maioria das vezes, PN e P7. Observa-se que a função de von Bertalanffy não ponderada (*QMO*), subestimou PN e P7, independente do sexo, para as linhagens RÃO, INHA e JÓ, além de P21 para 7P. O modelo Gompertz não ponderado subestimou consideravelmente o valor de PN para os machos da linhagem JÓ, e PN e P7 para as fêmeas de JÓ e as demais linhagens, para ambos os sexos.

A função Logístico não ponderada subestimou expressivamente PN e P7 para machos da linhagem 7P e INHA, e fêmeas da linhagem 7P. O mesmo modelo superestimou PN para a linhagem RÃO, em ambos os sexos. No entanto observa-se que se adequou bem para os machos da Linhagem INHA e JÓ, e fêmeas da linhagem JÓ.

O modelo Richards não ponderado subestimou PN e P7 para os machos da linhagem 7P, e PN para fêmeas. O modelo Richards ponderado apresentou um bom ajuste para as linhagens INHA e JÓ. O modelo Brody não ponderado subestimou PN para todas as linhagens, independente do sexo, e superestimou as P7 e P21 para todas as linhagens, além de P28 para machos e fêmeas das linhagens RÃO. Nota-se que esse modelo seguiu uma tendência linear e não sigmoide, a qual os dados observados apresentaram.

No geral, a ponderação melhorou o ajuste dos modelos de todas as linhagens, para fêmeas e machos. Com exceção do modelo von Bertalanffy que subestimou os valores de P35, P42, P77 e P84 para machos e fêmeas da linhagem 7P. Esta função subestimou P77 para as fêmeas da linhagem RÃO. Contudo, não houve convergência do modelo Brody para nenhuma das linhagens estudadas.

Em relação às estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento para os modelos não ponderados (*QMO*) e ponderados (*QMP*) para as linhagens estudadas, independente de sexo, a função Brody (somente para *QMO*) foi a que apresentou maior valor de *A* (peso assintótico), seguida pelos modelos von Bertalanffy, Gompertz, Logístico e Richards. Para o parâmetro *k* (taxa de maturidade), a ordem inversa ocorreu. Tais tendências foram observadas, em geral, por Braccini Neto et al. (1996) com aves de postura, Mazzini et al. (2005) com ovinos, Brown et al. (1976), Kaps et al. (1999), Forni et al. (2007) e Gonçalves et al. (2011) com bovinos de corte e Santos et al. (2007) com peixes.

Em todos os modelos para todas as linhagens estudadas a ponderação aumentou as estimativas do peso assintótico, e diminuiu o valor da taxa de maturação (Tabelas 14, 15, 16 e 17). Resultados semelhantes aos encontrados por Mazzini et al. (2005) e divergentes aos obtidos por Silva et al. (2011), no qual o inverso ocorreu.

Tabela14 - Estimativas dos parâmetros e erros-padrão (EP) provenientes dos modelos ajustados pelos métodos: Quadrados Mínimos Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*) para a linhagem 7P

Modelo	Parâmetros	<i>QMO</i>		<i>QMP</i>	
		Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
		Estimativas (EP)		Estimativas (EP)	
von Bertalanffy	<i>A</i> (g)	1.992 (19,1)	1.598 (11,5)	3.183 (53,1)	2.372 (31,6)
	<i>b</i>	1,08 (0,042)	1,01 (0,032)	0,78 (0,001)	0,76 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,050 (0,0015)	0,051 (0,0013)	0,024 (0,0002)	0,025 (0,0003)
Logístico	<i>A</i> (g)	1.909 (13,1)	1.537 (8,1)	2.012 (14,8)	1.617 (9,8)
	<i>b</i>	6,53 (0,242)	6,12 (0,200)	5,81 (0,011)	5,50 (0,009)
	<i>k</i> (g)	0,068 (0,0014)	0,069 (0,0013)	0,060 (0,0003)	0,0608 (0,0003)
Brody	<i>A</i> (g)	3.151 (107,7)	2.191 (46,2)	NC	NC
	<i>b</i>	1,03 (0,004)	1,04 (0,005)	NC	NC
	<i>k</i> (g)	0,012 (0,0006)	0,016 (0,0006)	NC	NC
Richards	<i>A</i> (g)	1.885 (16,1)	1.526 (10,3)	1.930 (17,8)	1.533 (11,0)
	<i>b</i>	1,06 (0,464)	0,75 (0,447)	0,75 (0,103)	1,09 (0,092)
	<i>k</i> (g)	0,075 (0,0043)	0,074 (0,0037)	0,068 (0,0014)	0,074 (0,0014)
	<i>m</i>	0,329 (0,0989)	0,2843 (0,0881)	0,287 (0,0184)	0,369 (0,0192)
Gompertz	<i>A</i> (g)	1.932 (14,9)	1.554 (9,14)	2.199 (18,8)	1.750 (12,5)
	<i>b</i>	1,64 (0,043)	1,57 (0,037)	1,42 (0,002)	1,37 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,061 (0,0016)	0,062 (0,0014)	0,047 (0,0002)	0,048 (0,0002)

NC= Não convergiu

Tabela 15 - Estimativas dos parâmetros e erros-padrão (EP) provenientes dos modelos ajustados pelos métodos: Quadrados Mínimos Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*) para a linhagem Caipirão da ESALQ

Modelo	Parâmetros	<i>QMO</i>		<i>QMP</i>	
		Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
		Estimativas (EP)		Estimativas (EP)	
von Bertalanffy	<i>A</i> (g)	2.131 (13,9)	1.671 (6,9)	3.049 (30,2)	2.314 (19,1)
	<i>b</i>	1,16 (0,029)	1,22 (0,263)	0,79 (0,001)	0,76 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,049 (0,0009)	0,055 (0,0008)	0,025 (0,0002)	0,028 (0,0001)
Logístico	<i>A</i> (g)	2.050 (9,6)	1.624 (5,2)	2.103 (10,8)	1.701 (7,6)
	<i>b</i>	6,78 (0,156)	7,04 (0,148)	5,96 (0,008)	5,66 (0,007)
	<i>k</i> (g)	0,064 (0,0009)	0,071 (0,0008)	0,059 (0,0002)	0,061 (0,0002)
Brody	<i>A</i> (g)	3.924 (120,5)	2.436 (37,6)	NC	NC
	<i>b</i>	1,02 (0,002)	1,04 (0,003)	NC	NC
	<i>k</i> (g)	0,009 (0,0004)	0,015 (0,0003)	NC	NC
Richards	<i>A</i> (g)	1.986 (10,1)	1.567 (4,4)	2.245 (19,7)	1.781 (12,9)
	<i>b</i>	2,34 (0,24)	3,89 (0,209)	-2,90 (0,994)	-1,74 (0,324)
	<i>k</i> (g)	0,085 (0,0031)	0,114 (0,0035)	0,048 (0,0008)	0,052 (0,0008)
	<i>m</i>	0,652 (0,740)	1,183 (0,0787)	0,126 (0,012)	0,045 (0,0122)
Gompertz	<i>A</i> (g)	2.071 (10,9)	1.632 (5,7)	2.260 (12,8)	1.812 (9,0)
	<i>b</i>	1,70 (0,02)	1,78 (0,025)	1,44 (0,001)	1,39 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,059 (0,0010)	0,067 (0,0009)	0,047 (0,0002)	0,049 (0,0002)

NC= Não convergiu

Tabela 16 - Estimativas dos parâmetros e erros-padrão (EP) provenientes dos modelos ajustados pelos métodos: Quadrados Mínimos Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*) para a linhagem Caipirinha da ESALQ

		<i>QMO</i>		<i>QMP</i>	
Modelos		Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
	Parâmetros	Estimativas (EP)		Estimativas (EP)	
von Bertalanffy	<i>A</i> (g)	2.071 (27,1)	1.482 (11,6)	2.918 (50,5)	2.023 (24,3)
	<i>b</i>	0,88 (0,018)	0,92 (0,019)	0,78 (0,0011)	0,75 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,035 (0,0009)	0,041 (0,0009)	0,022 (0,0002)	0,024 (0,0002)
Logístico	<i>A</i> (g)	1.866 (14,6)	1.393 (7,0)	1.858 (15,5)	1.428 (8,7)
	<i>b</i>	5,84 (0,140)	5,77 (0,129)	5,76 (0,012)	5,48 (0,009)
	<i>k</i> (g)	0,054 (0,0010)	0,059 (0,0009)	0,054 (0,0003)	0,056 (0,0002)
Brody	<i>A</i> (g)	6.354 (660,4)	2.509 (80,1)	NC	NC
	<i>b</i>	1,01 (0,001)	1,02 (0,002)	NC	NC
	<i>k</i> (g)	0,004 (0,0005)	0,01 (0,0004)	NC	NC
Richards	<i>A</i> (g)	1.853 (24,1)	1.362 (8,9)	1.946 (26,5)	1.452 (13,3)
	<i>b</i>	0,35 (0,517)	1,50 (0,303)	-1,08 (0,309)	-0,41 (0,172)
	<i>k</i> (g)	0,056 (0,0034)	0,071 (0,0033)	0,047 (0,0013)	0,053 (0,0012)
	<i>m</i>	0,223 (0,0843)	0,480 (0,0815)	0,072 (0,0195)	0,134 (0,0185)
Gompertz	<i>A</i> (g)	1.915 (17,8)	1.416 (8,3)	2.028 (19,0)	1.536 (10,5)
	<i>b</i>	1,49 (0,027)	1,49 (0,025)	1,41 (0,002)	1,35 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,047 (0,0011)	0,053 (0,0010)	0,042 (0,0002)	0,044 (0,0002)

NC= Não convergiu

Tabela 17 – Estimativas dos parâmetros e erros-padrão (EP) provenientes dos modelos ajustados pelos métodos: Quadrados Mínimos Ordinários (*QMO*) e Quadrados Mínimos Ponderados (*QMP*) para a linhagem Carijó Barbado

Modelo	Parâmetros	<i>QMO</i>		<i>QMP</i>	
		Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
		Estimativas (EP)		Estimativas (EP)	
von Bertalanffy	<i>A</i> (g)	1.805 (19,5)	1.408 (12,3)	2.355 (30,3)	1.802 (20,4)
	<i>b</i>	0,84 (0,015)	0,84 (0,016)	0,76 (0,001)	0,74 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,035 (0,0008)	0,039 (0,0008)	0,024 (0,0002)	0,026 (0,0002)
Logístico	<i>A</i> (g)	1.639 (11,3)	1.310 (7,5)	1.617 (10,7)	1.317 (7,96)
	<i>b</i>	5,49 (0,118)	5,35 (0,123)	5,52 (0,010)	5,24 (0,009)
	<i>k</i> (g)	0,055 (0,0009)	0,058 (0,0009)	0,056 (0,0002)	0,057 (0,0002)
Brody	<i>A</i> (g)	3.681 (188,7)	2.185 (64,2)	NC	NC
	<i>b</i>	1,01 (0,002)	1,02 (0,003)	NC	NC
	<i>k</i> (g)	0,007 (0,0004)	0,011 (0,0005)	NC	NC
Richards	<i>A</i> (g)	1.668 (20,5)	1.306 (11,5)	1.712 (19,5)	1.359 (13,2)
	<i>b</i>	-1,41 (1,384)	0,20 (0,468)	-1,70 (0,444)	-0,87 (0,241)
	<i>k</i> (g)	0,050 (0,0027)	0,059 (0,0029)	0,047 (0,0011)	0,051 (0,0012)
	<i>m</i>	0,054 (0,0695)	0,218 (0,0773)	0,043 (0,0177)	0,095 (0,0196)
Gompertz	<i>A</i> (g)	1.682 (13,6)	1.336 (8,9)	1.750 (13,0)	1.412 (9,6)
	<i>b</i>	1,42 (0,024)	1,40 (0,025)	1,37 (0,001)	1,32 (0,001)
	<i>k</i> (g)	0,0485 (0,0009)	0,051 (0,0010)	0,044 (0,0002)	0,045 (0,0002)

NC= Não convergiu

No geral para os modelos não ponderados, os maiores valores de *A* foram encontrados para as linhagens RÃO, 7P, INHA e JÓ, respectivamente. A função von Bertalanffy obteve a seguinte ordem para fêmeas somente, RÃO, INHA, 7P e JÓ.

Para a maioria dos modelos ponderados as maiores estimativas de *A* foram para as linhagens RÃO, 7P, INHA e JÓ, respectivamente. O modelo da von Bertalanffy teve a seguinte sequência: 7P, RÃO, INHA e JÓ, para ambos os sexos. O modelo Richards, para os machos somente, os maiores valores de *A* foram para as linhagens RÃO, INHA, 7P e JÓ, respectivamente.

Em todos os modelos, ponderados ou não, os machos tiveram maiores estimativas de *A*, como o esperado, e menores estimativas de *k*. Considerando-se os valores estimados para o parâmetro *k*, em âmbito geral, a linhagem INHA e JÓ apresentaram valores superiores em relação as demais linhagens, sugerindo maior precocidade. As linhagens RÃO e 7P obtiveram os menores valores de *k*, o que indica uma menor taxa de crescimento e maior peso assintótico. Estas

peculiaridades para as linhagens eram previstas devido os menores pesos aos 84 dias de idade das linhagens INHA e JÓ (COELHO et al., 2008) (Tabelas 7, 8, 16 e 17).

Os animais que apresentaram maior peso assintótico (A) obtiveram menores taxas de crescimentos (k). Sugerindo a seguinte tendência, quanto maior a taxa de maturação (k) menor o peso adulto (A). O parâmetro b não foi levado em consideração por não apresentar interpretação biológica.

Os modelos que apresentaram maior percentual de convergência foi o modelo Gompertz, para ambos os ajustes, QMO e QMP (Tabela 18). De acordo com os resultados mostrados nas Tabelas 13 e 18, pode-se inferir, de forma global, que o modelo Gompertz, apresentou melhor qualidade de ajuste, e que a utilização de ajustes ponderados (QMP) foi efetiva.

Tabela 18 - Percentual de convergência para os modelos ajustados pelos métodos dos Quadrados Mínimos Ordinários (QMO) e Quadrados Mínimos Ponderados (QMP)

Linhagem	Modelo	Convergência %	
		QMO	QMP
7P	von Bertalanffy	78	73
	Logístico	95	98
	Brody	56	NC
	Richards	29	77
	Gompertz	97	97
Caipirão da ESALQ	von Bertalanffy	65	69
	Logístico	84	86
	Brody	44	NC
	Richards	56	12
	Gompertz	83	85
Caipirinha da ESALQ	von Bertalanffy	85	78
	Logístico	95	96
	Brody	53	NC
	Richards	69	56
	Gompertz	96	97
Carijó Barbado	von Bertalanffy	83	87
	Logístico	94	94
	Brody	58	NC
	Richards	49	48
	Gompertz	94	96

NC = não convergiu

Diante do exposto, foram estimados os componentes genéticos dos parâmetros A e k das curvas de crescimento, sob análises bicaracterísticas. As

estatísticas descritivas dos parâmetros A e k utilizados para as estimativas genéticas estão na Tabela 19.

Tabela 19 – Estatística descritiva das variáveis utilizadas para as estimativas genéticas dos parâmetros da função Gompertz, A (peso assintótico), k (taxa de maturação)

A (g)					
Linhagem	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
7P	907	2.373	1.022	1.099	6.951
Caipirão da ESALQ	1429	2.250	829	1.013	6.907
Caipirinha da ESALQ	772	1.909	632	1.003	6.176
Carijó Barbado	772	1.770	705	1.010	6.547
k (g)					
Linhagem	N	Média	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
7P	907	0,046	0,0078	0,017	0,073
Caipirão da ESALQ	1429	0,049	0,0101	0,019	0,278
Caipirinha da ESALQ	772	0,044	0,0066	0,022	0,088
Carijó Barbado	772	0,045	0,0070	0,020	0,097

As estimativas genéticas (herdabilidades, correlações genéticas e correlações fenotípicas) para os parâmetros A e k do modelo não linear de Gompertz ponderado estão descritos na Tabela 20.

Tabela 20 – Estimativas de herdabilidades (diagonal), correlações genética (abaixo da diagonal) e fenotípicas (acima da diagonal), e seus respectivos erros-padrão (entre parênteses) das características dos parâmetros A (peso assintótico) e k (taxa de maturação da função Gompertz ponderado das linhagens estudadas)

7P				Caipirão da ESALQ			
	A	k		A	k		
A	0,23 (0,07)	-0,63 (0,02)	A	0,14 (0,05)	-0,51 (0,02)		
k	-0,87 (0,07)	0,34 (0,09)	k	-0,34 (0,15)	0,82 (0,08)		
Caipirinha da ESALQ				Carijó Barbado			
	A	k		A	k		
A	0,16 (0,06)	-0,53 (0,03)	A	0,07 (0,05)	-0,61 (0,02)		
k	-0,24 (0,20)	0,75 (0,10)	k	-0,62 (0,22)	0,30 (0,08)		

A estimativa de herdabilidade para o parâmetro A foi baixa para a linhagem JÓ (0,07), moderada para as linhagens RÃO (0,14), INHA (0,16) e 7P (0,23). As estimativas de herdabilidade obtidas por Barbato (1991) para o parâmetro A em linhagem comercial de frango foi moderada (0,12), enquanto que as estimativas obtidas por Mignon-Gastreau et al. (1999), para a mesma característica foram

altas, e variaram de 0,31 a 0,54, também em linhagem comercial de frango de corte. Ambos os trabalhos citados anteriormente utilizaram a função Gompertz. O parâmetro A , para o modelo Gompertz ponderado, parece ser um bom critério de seleção para as linhagens 7P, RÃO e INHA. No entanto, parece não ser uma boa escolha para a linhagem JÓ.

As herdabilidades obtidas para o parâmetro k , para o modelo Gompertz ponderado, foram altas para as linhagens JÓ (0,30), 7P (0,34), INHA (0,75) e RÃO (0,82), sugerindo que a taxa de maturação pode ser usada como critério de seleção. Este é um fator importante para a criação de frangos caipiras, no qual se deseja aves que tenham crescimento lento. Estimativas semelhantes foram encontradas por Barbato (1991) e Mignon-Gastreau et al. (1999), 0,28 e 0,48, respectivamente.

As correlações genéticas entre as características A e k do modelo Gompertz ponderado foram de -0,24; -0,34; -0,62; -0,87 para as linhagens Inha, RÃO, JÓ e 7P, respectivamente. Para todas as linhagens as correlações foram negativas e significativas, ou seja, a seleção de indivíduos que tenham maior peso adulto (A) resulta em aves que tem menor taxa de crescimento (k). Na literatura estimativas de correlação genética variaram entre -0,39 (MIGNON-GASTREAU et al., 1999) e 0,59 (BARBATO, 1991). As estimativas negativas podem ser relacionadas ao fato de que a velocidade de maturação elevada conduz a uma rápida diminuição da taxa de crescimento após o ponto de inflexão resultando então um menor peso adulto destes indivíduos (MIGNON-GRASTEAU et al., 1999), sendo estes resultados negativos mais coerentes.

As correlações fenotípicas entre parâmetros do modelo Gompertz ponderado variaram de -0,51 a -0,63 para as linhagens estudadas. As correlações fenotípicas foram altas e negativas para as quatro linhagens, para ambos os modelos não lineares.

Estes resultados sugerem que quanto mais alto o peso adulto menor é a taxa de crescimento, e vice-versa, corroborando com as observações das Tabelas 14, 15, 16 e 18. Corroborando com resultados encontrados na literatura (BARBATO, 1991; EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003; MAZZINI et al., 2003, 2005; AGGREY, 2009; SILVA et al., 2011).

5.4 Conclusões

O coeficiente de determinação ajustado ($R^2_{ajustado}$) não foi um bom critério para escolha dos modelos devido aos altos valores encontrados para todos os modelos, independentemente do ajuste. A ponderação (QMP) proporcionou redução significativa na variabilidade das estimativas dos QMR 's para todas as linhagens em ambos os sexos. O modelo que melhor explicou a curva de crescimento para estas quatro linhagens caipiras foi à função Gompertz pelo método dos quadrados mínimos ponderados (QMP). Pois obtiveram menores QMR 's e maior percentagem de convergência dos dados utilizados.

Os parâmetros genéticos estimados para as medidas A e k do modelo Gompertz ponderado podem ser utilizados como critérios de seleção, pois parecem ter efeito genético considerável para estas características. No entanto, deve se ter cautela na utilização do parâmetro A como critério de seleção para a linhagem Carijó Barbado, devido ao baixo valor de herdabilidade encontrado. As correlações genéticas e fenotípicas entre as características A e k foram negativas e significativas. Isto indica que a seleção de indivíduos com maior peso assintótico resultara em menores taxas de crescimento. O sistema de criação teve influência sobre a curva de crescimento.

Referências

AGGREY, S.E. Logistic nonlinear mixed effects model for estimating growth parameters. **Poultry Science**, Savoy, v. 88, n. 2, p. 276-280, 2009.

BARBATO, G.F. Genetic architecture of growth-curve parameters in chickens. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 83, p. 24-32, 1991.

BASSO, B.; BORDAS, A.; DUBOS, F.; MORGANX, P.; MARIE-ETANCELIN, C. Feed efficiency in the laying duck: appropriate measurements and genetic parameters. **Poultry Science**, Savoy, v. 91, p. 1065-1073, 2012.

BLASCO, A.; PILES, M.; VARONA, L.A. Bayesian analysis of the effect of selection for growth rate on growth curves in rabbits. **Genetic Selection Evolution**, Les Ulis, v. 35, p. 21-41, 2003.

BRACCINI NETO, J.; DIONELLO, N.J.L.; SILVEIRA Jr., P.; BONGALHARDO, D.; ESTIVALET Jr., C.N.O. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos da curva decrescimento de galinhas poedeiras. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 5, p. 894-904, 1997.

BRACCINI NETO, J.; DIONELLO, N.J.L.; SILVEIRA Jr., P.; BONGALHARDO, D.C.; XAVIER, E.G. Análise de curvas de crescimento de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 25, n. 6, p. 1062-1073, 1996.

BROWN, J.E.; FITZHUGH Jr., H.A.; CARTWRIGHT, T.C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 42, n. 4, p. 810-818, 1976.

COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; ROSÁRIO, M.F. **Frango feliz: caminhos para a avicultura alternativa**. Piracicaba: FEALQ, 2008. 88 p.

DE NISE, R.S.K.; BRINKS, J.S. Genetic and environmental aspects of the growth curve parameters in beef cows. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 61, n. 6, p. 1431-1440, 1985.

FREITAS, A.R. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 786-795, 2005.

FORNI, S.; PILES, M.; BLASCO, A.; VARONA, L.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B.; ALBUQUERQUE, L.G. Analysis of beef cattle longitudinal data applying a non-linear model. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 85, p. 3189-3197, 2007.

GAYA, L.G.; FERRAZ, J.B.S.; REZENDE, F.M.; MOURÃO, G. B.; MATTOS, E.C.; ELER, J.P.; MICHELAN FILHO, T. Heritability and genetic correlation estimates for performance and carcass and body composition traits in a male broiler line. **Poultry Science**, Savoy, v. 85, p. 837-843, 2006.

GOLIOMYTIS, M.; PANOPOULOU, E.; ROGDAKIS, E. Growth curves for body weight and major component parts, feed consumption, and mortality of male broiler chickens raised to maturity. **Poultry Science**, Savoy, v. 82, p. 1061-1068, 2003.

GONÇALVES, T.M.; DIAS, M.A.D.; AZEVEDO Jr., J.A.; RODRIGUEZ, M.A.P.; TIMPANI, V.D.; OLIVEIRA, A.I.G. Curvas de crescimento de fêmeas da raça Nelore e seus cruzamentos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 35, p. 582-590, 2011.

GUEDES, M.H.P.; MUNIZ, J.A.; PEREZ, J.R.O.; SILVA, F.F.E. ; AQUINO, L.H.; SANTOS, C.L. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia considerando heterogeneidade de variâncias. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 28, n. 2, p. 383-390, 2004.

HARTLEY, H.O. The modified Gauss-Newton method for the fitting of non-linear regression functions by least squares. **Thechnometrics**, Alexandria, v. 3, p. 269-280, 1961.

IBÁÑEZ-ESCRICHE, N.; BLASCO, A. Modifying growth curve parameters by multitrait genomic selection references. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 89, p. 661–668, 2011.

JAFFRÉZIC, F.; MEZA, C.; LAVIELLE, M.; FOULLEY, J. L. Genetic analysis of growth curves using the SAEM algorithm. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 38, p. 583-600, 2006.

KAPS, M.; HERRING, W.O.; LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for mature weight in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v. 77, p. 569-574, 1999.

KNÍZETOVÁ, H.; J HYÁNEK, J.; HYÁNKOVÁ, L.; BELICEK, P. Comparative study of growth curves in poultry. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 27, p. 365-375, 1995.

MAZZINI, A.R.A.; MUNIZ, J.A.; AQUINO, L.H.; SILVA, F.F.E. Análise da curva de crescimento de machos Hereford. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 5, p. 1105-1112, 2003.

MAZZINI, A.R.A.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F.; AQUINO, L.H. Curva de crescimento de novilhos Hereford: heterocedasticidade e resíduos autorregressivos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, p. 422–427, 2005.

MEYER, K. Estimates of genetic parameters for mature weight of Australian beef cows and its relationship to early growth and skeletal measures. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 44, p. 125-137, 1995.

MIGNON-GASTEAU, S.; BEAUMONT, C.; LE BIHAN-DUVAL, E.; POIVEY, J.P.; DEROCHAMBEAU, H.; RICARD, F.H. Genetic parameters of growth curve parameters in male and female chickens. **British Poultry Science**, Colchester, v. 40, p. 44-51, 1999.

ROSTAGNO, H.S.; ALBINO, L.F.T.; DONZELE J.L. et al. **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais**. Viçosa, MG: UFV, Departamento de Zootecnia, 2005. p.186.

ROUSH, W.B.; BRANTON, S.L. A comparison of fitting growth models with a genetic algorithm and nonlinear regression. **Poultry Science**, Savoy, v. 84, p. 494-502, 2005.

SANTOS, V.B.; FREITAS, R.T.F.; SILVA, F.F.; FREATO, T.A. Avaliação de curvas de crescimento morfométrico de linhagens de Tilápia do Nilo (*Oreochromis niloticus*). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 5, p. 1486-1492, 2007.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H. Estimacão de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 58, n. 4, p. 581-589, 2006.

SAVINO, V.J.M.; COELHO, A.A.D.; ROSÁRIO, M.F.; SILVA, M.A.N. Avaliação de materiais genéticos visando à produção de frango caipira em diferentes sistemas de alimentação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 3, p. 578-583, 2007.

SILVA, F.L.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; PACKER, I.U.; MOURÃO, G.B. Curvas de crescimento em vacas de corte de diferentes tipos biológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 3, p. 262-271, 2011.

6 PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM LINHAGENS DE FRANGO CAIPIRAS SOB MODELOS DE REGRESSÃO ALEATÓRIA

Resumo

Medidas repetidas no tempo de um mesmo indivíduo são comumente analisadas, por meio de modelos que contemplam o uso de repetibilidade e de dimensão finita em análises uni ou multicaracterísticas. Entretanto, na última década modelos de regressão aleatória (MRA) tem se tornado uma das principais metodologias para o estudo genético de medidas longitudinais. Desta forma, o objetivo nesse estudo foi comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, 3ª e 4ª ordem, sob modelos de regressão aleatória, com variância residual heterogênea, para a estimação dos componentes de (co)variância e avaliação genética de linhagens experimentais de frango caipira. Para tal foi utilizado um banco de dados com 34.730 informações de peso do nascimento aos 84 dias de idade das linhagens experimentais de frango caipira: 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado. Dentre os modelos estudados o polinômio de 3ª ordem foi o que melhor se adequou para descrever as curvas de crescimento das linhagens estudadas. As estimativas de variâncias e herdabilidades foram afetadas pela modelagem da variância residual. Em geral as herdabilidades estimadas para as idades de 1 a 84 dias variaram de moderadas a altas para as linhagens estudadas, indicando que qualquer idade pode ser utilizada como critério de seleção. A seleção aos 42 dias de idade pode ser mantida como critério de seleção.

Palavras-chave: Componentes de variância; Linhagens de frango caipira; Polinômios de Legendre; Heterogeneidade de variância; Crescimento

Abstract

Repeated measurements of the same individual are often analyzed using models that include the use of repeatability and finite dimension in univariate or multivariate analyses. However, in the last decade random regression models (RRM) have become one of the main methodologies for the genetic study of longitudinal data measurements. The objective of this study was to compare models with different orders of adjustment by Legendre 3rd and 4th order polynomial functions by Random Regression models with heterogeneous residual variance for (co) variance estimation and genetic evaluation of experimental free-range chicken lines. For this, we used a database with 34,730 datapoints containing weight from birth to 84 days of age for experimental free-range chicken lines: 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ and Carijó Barbado. Among the models studied the 3rd order polynomial was the best for describing the growth curves for these lines. Estimates of variances and heritabilities were affected by the residual variance modeling. Estimates of heritability from 1 to 84 days of age ranged from moderate to high for the lines studied, indicating that any

age can be used as a selection criteria, and that the current selection at 42 days of age can be kept as a selection criteria.

Keywords: Components of variance; Free-range chickens; Legendre polynomials; Heterogeneity of variance; Growth

6.1 Introdução

Para obter avanços genéticos, são necessários programas de melhoramento bem estruturados, fundamentados em parâmetros genéticos acurados e precisos. De tal forma que consigam utilizar todas as informações, e principalmente, possibilite utilizar dados observados, em substituição aos estimados, com vistas a aumentar a acurácia e o poder de seleção, melhorando assim a eficiência dos programas de melhoramento animal.

Medidas de peso vivo, coletadas inúmeras vezes ao longo da vida de um mesmo indivíduo, são conhecidas como medidas repetidas no tempo ou longitudinais, e são geralmente utilizadas por programas de melhoramento animal. Essas medidas são comumente analisadas por meio de modelos que contemplam o uso de repetibilidade e de dimensão finita em análises uni ou multicaracterísticas. No entanto, na última década modelos de regressão aleatória (MRA) tem-se tornado uma das principais metodologias para o estudo genético de medidas de dados longitudinais em diversas espécies de interesse econômico (MEYER, 1998). Os modelos de regressão aleatória permitem o ajuste de curvas aleatórias para cada indivíduo, expressas como desvios de uma curva média da população ou de grupos de indivíduos (SHAEFFER, 1996).

Ao se ajustar modelos de regressão aleatória assumem-se implicitamente, certa estrutura de covariâncias entre os coeficientes de regressão, podendo ser caracterizada como uma função de covariâncias (MEYER; HILL, 1997; LEWIS; BROTHERSTONE, 2002). Tais funções possibilitam descrever mudanças graduais das covariâncias com o passar do tempo, e prever variâncias e covariâncias para pontos ao longo de uma trajetória, mesmo que não haja informações entre os pontos (EL FARO; ALBUQUERQUE, 2003).

A implementação dos MRA demanda a utilização de uma função que descreva a ação dos efeitos fixos e aleatórios que agem sobre as características estudadas, dentre estas funções, os polinômios de Legendre têm sido eleitos, pois são ortogonais e normalizados, conduzindo as melhores convergência e

acurácia dos resultados (KIRKPATRICK et al., 1990; LIU; ZHANG; SCHAEFFER, 2006).

Nos primeiros trabalhos envolvendo modelos de regressão aleatória se considerava a estrutura de variâncias homogênea para o resíduo que, juntamente associadas a problemas de modelagem do efeito de ambiente permanente, superestimavam as variâncias genéticas aditivas (JAMROZIK; SCHAEFFER, 1996). Porém, ao se considerar as variâncias residuais heterogêneas, pode-se melhorar a partição da variância total nas variâncias atribuídas aos efeitos aleatórios incluídos no modelo (KIRKPATRICK et al., 1990)

Desta forma, o objetivo nesse estudo foi comparar modelos com diferentes ordens de ajuste por meio de funções polinomiais de Legendre, sob modelos de regressão aleatória, com variância residual heterogênea, para a estimação dos componentes de (co) variância e avaliação genética de linhagens experimentais de frango caipira.

6.3 Material e Métodos

Foram utilizadas informações referentes ao peso de quatro linhagens experimentais de frango caipira, pertencentes ao programa de melhoramento de aves caipiras “Frango Feliz”, criado pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), as quais foram descritas por Savino et al. (2007) e Coelho et al. (2008):

- i) Caipirão da ESALQ (RÃO): linhagem de corte e postura, e de fenótipos variados para cor de plumagem. Apresenta, em média, peso vivo de 3,28 kg, conversão alimentar de 2,82, e 72,66% de rendimento de carcaça aos 84 dias;
- ii) 7P: linhagem de corte e postura, e de plumagem preta, em torno de 25% da população apresenta o fenótipo do pescoço pelado. Aos 84 dias apresenta em média peso vivo de 3,19 kg, conversão de 2,66e rendimento de carcaça de 73,24%. A sigla do nome tem origem de Pinto Preto Pesado de Pasto de Pescoço Pelado de Piracicaba;
- iii) Caipirinha da ESALQ (INHA): linhagem de dupla aptidão (corte e postura), e de fenótipos variados para cor de plumagem, apresentando

o fenótipo que confere topete e/ou fenótipo do pescoço pelado. Aos 84 dias de idade, em média, pesa 2,42 kg, com conversão alimentar de 2,66, e rendimento de carcaça e, possui produção de até 240 ovos por ciclo e rendimento de carcaça de 70,25%;

- iv) Carijó Barbada (JÓ): linhagem de dupla aptidão (corte e postura), e plumagem do tipo barrada, apresentando o gene que confere barba e costeletas. Apresenta aos 84 dias de idade, peso médio de 2,20 kg, conversão alimentar de 2,69, e 69,60% de rendimento de carcaça, com produção de até 240 ovos por ciclo.

Para a reprodução destas aves o programa “Frango Feliz”, utilizava a inseminação artificial, e fazia o uso da mistura do sêmen de vários galos da mesma linhagem para fecundar as galinhas, não havendo controle de paternidade ou maternidade, e a seleção de reprodutores, era realizada exclusivamente pelo fenótipo, de acordo com padrão racial de cada linhagem, e o peso aos 42 dias de idade.

Para este estudo foram utilizadas todas as aves disponíveis no momento, que já estavam em período reprodutivo, não ocorrendo processo seletivo, ou identificação de seus progenitores. O grupo de parentais foi composto por 194, 335, 172, e 202 aves para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1 – Relação dos progenitores utilizados para as linhagens estudadas

Linhagem	Progenitores	Progenitoras
7P	43	151
Caipirão da ESALQ	73	262
Caipirinha da ESALQ	42	130
Carijó Barbado	49	153

As aves foram individualmente identificadas para adequada escrituração do *pedigree*, com identificação do grupo de acasalamento e linhagem, e foram separadas em famílias, tendo em torno de quatro fêmeas e um macho por família. As aves foram alojadas em gaiolas individuais. Para a reprodução foi utilizada à inseminação artificial, que aliada ao uso de gaiolas individuais facilitou a identificação dos parentais. Cada fêmea era inseminada duas vezes por semana,

e o período de coleta de ovos foi de 21 dias. Após a postura dos ovos, estes receberam identificação com informação dos parentais e linhagem, e ficaram armazenados em sala com ambiente controlado, por até 21 dias.

O total de ovos incubados por linhagem foram 1.593, 2.295, 1.548 e 1.783, para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente. As aves utilizadas para este experimento foram obtidas por meio de uma única incubação de 21 dias em incubadoras industriais, presentes na própria instituição.

Ao nascimento as aves foram identificadas por meio de uma anilha de pé, a qual era provisória devido à fragilidade da asa do pintinho em receber a anilha permanente de asa. A anilha de pé possuía numeração individual, a partir desta era possível localizar todas as informações relevantes do indivíduo. As aves foram vacinadas, conforme recomendação, e então alojadas em um galpão separadas por linhagem onde receberam alimentação (ração formulada conforme recomendações de Rostagno et al., (2005) para frangos de corte) e água *ad libitum*. A partir do 3º dia até o 9º dia de idade, houve a substituição das anilhas de pé, por anilhas permanentes de asa. As numerações também foram substituídas, porém, fazendo-se a ligação entre o número antigo e o novo para que se mantivessem as informações.

A partir dos 20 dias de idade as aves passaram a ter acesso a um piquete com cobertura vegetal (constituída predominantemente de grama *coast-cross*), novamente separados por linhagem, caracterizando um sistema semi-extensivo. A partir dos 42 até aos 50 dias de idade, as aves passaram por processo de seleção, para compor o plantel dos novos reprodutores. A seleção ocorreu nessa faixa etária devido ao dimorfismo sexual mais evidente o que facilitou a sexagem destas aves. Os critérios de seleção usados foram peso corporal e padrão fenotípico, de acordo com cada linhagem, e procurou-se ter ao menos um representante de cada pai. Para a linhagem Caipirã da ESALQ, foram selecionados indivíduos de fenótipo variados com diferentes tonalidades de plumagens. Os indivíduos selecionados para a linhagem 7P foram de plumagens negras, e em torno de 25% das aves possuíam pescoço pelado.

Para a linhagem Caipirinha foram selecionadas indivíduos de fenótipos variados e em torno de 20% dos indivíduos possuíam pescoço pelado, e 70% topete. O padrão fenotípico das aves selecionadas para linhagem Carijó Barbado foi barrado, e em torno de 90% dos indivíduos possuíam o gene que confere

barba e costeleta. O peso de seleção das aves, para fêmeas e machos, era preferível que se encontrassem entre o intervalo do primeiro e terceiro quartil dos pesos observados de cada linhagem aos 42 dias de idade (Tabela 2).

Tabela 2 – Pesos (g) utilizados para seleção das linhagens estudadas

Linhagem	1º Quartil		Mediana		3º Quartil	
	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea	Macho	Fêmea
7P	1.252	1.046	1.369	1.155	1.468	1.256
Caipirão da ESALQ	1.250	1.085	1.368	1.187	1.481	1.283
Caipirinha da ESALQ	948	720	1.057	875	1.160	964
Carijó Barbado	950	791	1.035	874	1.111	947

No entanto, algumas aves estiveram com peso abaixo ou acima deste intervalo, pois se desejava que as aves tivessem grande variabilidade de peso e um representante por progenitor. Para a linhagem 7P, RÃO, INHA e JÓ foram selecionadas 486, 650, 410 e 481 aves, respectivamente. As aves selecionadas foram transferidas para o galpão de recria onde permaneceram em gaiolas individuais, caracterizando um sistema intensivo.

As aves selecionadas foram transferidas para o galpão de recria onde permaneceram em gaiolas individuais, sem controle de temperatura, e com programa de luz, e alimentação restrita para adaptação e início da postura. As aves recebiam em torno de 70 a 90 gramas de ração por dia, formulada conforme recomendações de Rostagno et al., (2005) para frangos de postura.

Utilizando os mesmos critérios de seleção citados acima, uma amostra de 173 aves da linhagem 7P, 219 aves da linhagem RÃO, 98 aves da linhagem INHA e 115 aves da linhagem JÓ foram selecionadas e permaneceram no sistema semi-extensivo até os 85 dias de idade. As aves que não foram selecionadas foram descartadas.

No decorrer deste experimento, foram realizadas 11 pesagens para as linhagens 7P, Caipirão da ESALQ e Carijó Barbado, e 10 pesagens para a linhagem Caipirinha da ESALQ.

Para a linhagem 7P, estas pesagens foram realizadas nas idades: 1, 7, 21, 29, 36, 42, 56, 57, 63, 64, 69, 76, 83 e 84 dias. Nas idades 1, 7, 29, 42, 69 e 76 dias todas as aves presentes no experimento foram pesadas. Nas idades 21 e 36 uma amostra correspondendo a cerca de metade das aves foi pesada. Durante

as pesagens das idades 56 a 57 dias todas as aves foram pesadas, o mesmo ocorreu nas idades 63 a 64 dias; 83 a 84 dias.

As aves da linhagem Caipirã da ESALQ foram pesadas nas idades: 1, 7, 21, 28, 35, 43, 56, 62, 63, 70, 76, 77, 83 e 84 dias. Nas idades 1, 7, 28, 43, 56 e 70 dias todas as aves foram pesadas. Nas idades 21 e 35 uma amostra correspondendo a cerca de metade das aves foi pesada. Nas idades 62 a 63, 76 a 77; 83 a 84 dias todas as aves foram pesadas. A linhagem Carijó Barbado foi pesada nas seguintes idades: 1, 7, 21, 28, 35, 43, 56, 57, 63, 64, 69, 70, 76, 77, 83, 84 e 85 dias. Nas idades 1, 7, 28 e 43 dias todas as aves foram pesadas. Nas idades 21 e 35 uma amostra que representava em torno de metade das aves foi pesada. Nas idades 56 a 57, 63 a 64; 69 a 70; 76 a 77; 83, a 85 dias todas as aves foram pesadas. Para a linhagem Caipirinha da ESALQ as pesagens ocorreram nas idades: 1, 7, 21, 29, 35, 42, 62, 63, 64, 69, 70, 76, 77, 83 e 85 dias. Nas idades 1, 7, 29 e 42 dias todas as aves foram pesadas. Nas idades 21 e 35 uma amostra correspondendo em torno de metade das aves foi pesada. Nas idades de 62 a 64, 69 a 70; 76 a 77; 83 a 85 dias todas as aves foram pesadas.

Com o fim do período de pesagens os dados foram processados, e foi realizado a remoção de *outliers* por meio do *software* Statistical Analysis System (SAS), versão 9.2. Foram considerados *outliers* valores repetidos de mensuração, e observações que apresentaram um grande afastamento da média ou eram inconsistentes. As idades para as quatro linhagens foram padronizadas e os pesos corrigidos, para as seguintes idades em dias: 1 (PN), 7 (P7), 21 (P21), 28 (P28), 35 (P35), 42 (P42), 56 (P56), 63 (P63), 70 (P70), 77 (P77) e 84 (P84).

Os componentes de variância foram estimados por meio de Modelos de Regressão Aleatória (MRA), sob modelo animal, usando o *software* WOMBAT (MEYER, 2006).

As funções de covariância foram estimadas para os componentes genéticos aditivo direto e de ambiente permanente do animal, e foram modeladas por meio de polinômios ortogonais na escala de Legendre. Nos modelos, foram considerados fixos os efeitos de grupo de contemporâneo o qual era composto por idade, sexo e sistema de criação (semi-extensivo ou intensivo) e, como covariável, a idade do animal à pesagem (efeito linear). Como aleatórios, foram

considerados os efeitos genéticos aditivo direto, de ambiente permanente de animal.

Nos modelos de regressão aleatória são considerados efeitos fixos as regressões sobre o tempo, nesse estudo, a idade de mensuração, o que gera uma curva média de peso vivo, ou a trajetória média da população. Assim, as curvas aleatórias para cada indivíduo foram estimadas como desvios desta trajetória média (SCHAEFFER, 2004).

O peso médio foi modelado por regressão aleatória utilizando o seguinte modelo animal:

$$y_{ij} = F + \sum_{m=0}^{n-1} \beta_m \phi_m + \sum_{m=0}^{n_G-1} \alpha_{im} \phi_m + \sum_{m=0}^{n_P-1} \rho_{im} \phi_m + \varepsilon_{ij}$$

em que y_{ij} é o peso na idade j , da ave i ; F refere-se aos efeitos fixos constituídos pelo grupo de contemporâneos (idade, sexo e sistema de criação) e covariável (idade); β_m é o coeficiente de regressão fixo m do peso vivo sobre o polinômio de Legendre para modelar a curva média da população; α_{im} e ρ_{im} são os coeficientes de regressão aleatória para efeito genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal, respectivamente, para a ave i ; n , n_G , n_P , são as ordens dos polinômios; ϕ_m é a função polinomial de Legendre m ; e ε_{ij} denota o efeito aleatório residual. Na modelagem da variância residual foram consideradas classes de idade heterogêneas para cada linhagem.

As regressões aleatórias foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre, variando à ordem de ajuste de terceira à quarta para o peso vivo, tanto para o componente genético aditivo direto quanto para o de ambiente permanente do animal. A variância residual foi considerada heterogênea, dividindo as idades de pesagem em cinco intervalos para as linhagens 7P, RÃO e JÓ, e INHA. Os critérios para determinar esses intervalos foram os valores da variância para cada idade.

O modelo geral utilizado foi:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e}$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor das observações; $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são as matrizes de incidência dos efeitos fixos, aleatórios genético aditivos e de ambiente permanente, respectivamente, associando os elementos de $\mathbf{b}$, $\mathbf{a}$, $\mathbf{p}$ a $\mathbf{y}$; $\mathbf{b}$ é o vetor de efeitos fixos representados pelos GCs; $\mathbf{a}$ e $\mathbf{p}$ são vetores de soluções para efeitos

genético aditivo direto e de ambiente permanente do animal dos coeficientes da regressão aleatória, respectivamente; e é o vetor de efeitos residuais inerentes a cada observação, NID $(0, \sigma^2)$.

Também,

$$\text{Var} \begin{pmatrix} a \\ p \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A \otimes G & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes P & 0 \\ 0 & 0 & R \end{pmatrix}$$

em que G é a matriz de variância e covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória para efeitos genéticos aditivos de ordem $m_1 + 1$; P é a matriz de variância e covariâncias dos coeficientes de regressão aleatória para efeitos de ambiente permanente do animal de ordem $m_2 + 1$ e R é a matriz diagonal de variâncias residuais, que pode variar dependendo de t . As equações de modelos mistos são apresentadas a seguir:

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z & X'R^{-1}W \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + A^{-1} \otimes G^{-1} & Z'R^{-1}W \\ W'R^{-1}X & W'R^{-1}Z & W'R^{-1}W + I \otimes P^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \\ W'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Para as estimativas de G , P e R , assume-se normalidade das variáveis aleatórias. Os modelos foram denominados Lg3 e Lg4, de acordo com a ordem dos polinômios de Legendre usados para modelar as curvas de componentes (efeito genético direto e de ambiente permanente do animal).

Os critérios usados para a determinação do melhor modelo foram o Critério de Informação de Akaike (AIC), o Critério Bayesiano de Informação de Schwarz (BIC) e a máxima verossimilhança restrita $(-2\log(L))$. Os critérios de informação podem ser representados como:

$$AIC = -2 \log L + 2p$$

$$BIC = -2 \log L + p \log(N - r(X))$$

em que: p = número de parâmetros do modelo N = total de observações; e r = posto da matriz X (matriz de incidência para os efeitos fixos). Valores menores de AIC e BIC indicam melhor ajuste do modelo.

6.3 Resultados e Discussões

No total nasceram 1.215, 2.264, 1.071 e 1.078 pintinhos para 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente. Muitas aves perderam a informação de sexo, devido à perda da anilha, principalmente na primeira semana de vida, e em menor

proporção, devido à mortalidade e erros de anotações. As aves que perderam a anilha receberam nova identificação, no entanto, perderam todas as informações referentes à família e de pesagens anteriores. O número de ovos taxa de eclosão e sexo, estão descritos na Tabela 3.

Tabela 3 – Relação de Ovos Incubados, Taxa de Eclosão (%), Nascimento, totais de pintos nascidos e sexo

Linhagem	Ovos Incubados	Taxa de Eclosão (%)	Nascimentos	Macho	Fêmea	SNI
7P	1.593	76	1.215	469	465	281
Caipirão da ESALQ	2.995	76	2.264	840	837	587
Caipirinha da ESALQ	1.548	69	1.071	372	428	271
Caijó Barbado	1.783	60	1.078	403	400	275

SNI = Sexo não identificado

O banco de dados após limpeza ficou constituído por 8.245, 13.011, 6.400 e 7.074 informações referentes ao peso vivo das linhagens 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Caijó Barbado, respectivamente. O número de medidas por animal variou de um a onze. Informações da estatística descritiva das variáveis utilizadas nesse estudo estão presentes nas Tabelas 4, 5, 6 e 7.

Tabela 4 – Estatística descritiva nas diferentes idades para peso vivo na linhagem 7P

Característica	Nº de Observações	Média (g)	Desvio Padrão (g)	Mínimo (g)	Máximo(g)
PN	1.100	42	4	30	58
P7	1.079	104	13	51	151
P21	453	388	67	150	560
P28	1.031	699	112	224	1.023
P35	445	1.014	155	420	1.429
P42	1.002	1.258	211	435	1.869
P56	627	1.435	270	747	2.340
P63	629	1.501	333	728	2.770
P70	628	1.602	338	761	2.790
P77	632	1.589	434	679	3.009
P84	619	1.709	498	670	3.370

Tabela 5 – Estatística descritiva nas diferentes idades para peso vivo na linhagem Caipirão da ESALQ

Característica	Nº de Observações	Média (g)	Desvio Padrão (g)	Mínimo (g)	Máximo(g)
PN	2.026	39	3	27	52
P7	1.728	110	15	29	177
P21	804	410	66	169	592
P28	1.876	671	107	210	995
P35	757	893	145	286	1.391
P42	1.702	1.257	209	327	1.840
P56	849	1.635	201	960	2.410
P63	821	1.634	290	843	2.570
P70	802	1.672	295	780	2.607
P77	827	1.689	352	648	2.736
P84	819	1.776	402	800	3.198

Tabela 6 – Estatística descritiva nas diferentes idades para peso vivo na linhagem Caipirinha da ESALQ

Característica	Nº de Observações	Média (g)	Desvio Padrão (g)	Mínimo (g)	Máximo(g)
PN	955	39	4	26	53
P7	834	93	12	53	129
P21	398	326	49	199	479
P28	935	546	86	238	866
P35	401	770	121	365	1.223
P42	911	960	177	369	1.639
P63	504	1.333	243	620	2.150
P70	482	1.424	238	670	2.310
P77	495	1.457	282	910	2.492
P84	485	1.459	368	881	3.279

Tabela 7 – Estatística descritiva nas diferentes idades para peso vivo na linhagem Carijó Barbado

Característica	Nº de Observações	Média (g)	Desvio Padrão (g)	Mínimo (g)	Máximo(g)
P1	945	40	4	26	53
P7	869	96	12	49	131
P21	405	322	51	107	458
P28	916	525	79	173	758
P35	407	703	110	306	1.006
P42	889	942	159	293	1.428
P56	553	1.146	192	520	1.751
P63	533	1.210	221	520	1.910
P70	518	1.304	226	640	1.968
P77	522	1.361	254	750	2.178
P84	517	1.389	323	712	2.419

Conforme Tabela 3, muitas aves perderam a informação de sexo, devido à perda da anilha, principalmente na primeira semana de vida, e em menor proporção, devido à mortalidade e erros de anotações. As aves que perderam a

anilha receberam nova identificação, no entanto, perderam todas as informações referentes à família e de pesagens anteriores.

Os modelos utilizados, de acordo com a escala de Legendre e os critérios de ajuste podem ser visualizados na Tabela 8. A ordem dos modelos foi escolhida para evitar superparametrização, e foram realizadas as análises para estimação dos parâmetros genéticos, com a utilização de estrutura de variância residual heterogênea (Tabela 9). As variâncias residuais para os modelos Lg3 e Lg4 foram consideradas heterogêneas, e separadas em 5 classes : CI1, 1 a 4 dias; CI2, 5 a 13 dias; CI3, 14 a 30 dias; CI4, 31 a 50 dias; CI5, 51 a 84 dias. As variâncias residuais estimadas não tiveram diferenças altas entre os modelos Lg3 e Lg4, com exceção da CI1, que apesar de apresentarem valores muito baixos, mostram diferenças de 200 a 3.000 vezes superiores para os modelos Lg4.

Tabela 8 - Modelos, números de parâmetros e critérios de seleção de modelos com diferentes ordens de ajuste na escala de Legendre

Modelo	Nº de Parâmetros	-2log(L)	AIC	BIC
7P				
Lg3	17	-35.685	-35.702	-35.762
Lg4	25	-34.964	-34.989	-35.077
Caipirão da ESALQ				
Lg3	17	-55.382	-55.399	-55.463
Lg4	25	-54.533	-54.578	-54.651
Caipirinha da ESALQ				
Lg3	17	-26.111	-26.128	-26.185
Lg4	25	-25.708	-25.733	-25.817
Carijó Barbado				
Lg3	17	-29.341	-29.358	-29.416
Lg4	25	-28.931	-28.956	-29.041

Tabela 9 – Variâncias residuais para os modelos de Lg3 e Lg4 das linhagens de frango caipira 7P, Caipirão da ESALQ, Caipirinha da ESALQ e Carijó Barbado

7P			Caipirão da ESALQ		
Modelo			Modelo		
Intervalo (Dias)	Legendre 3	Legendre 4	Intervalo (Dias)	Legendre 3	Legendre 4
1 – 4	0,0088	2,94	1 – 4	0,0010	3,93
5 -13	95,64	21,05	5 -13	278,60	121,78
14 – 30	2.404,70	1.775,50	14 – 30	1.374,20	1.570,80
31 – 50	9.831,20	6.141,00	31 – 50	7.146,60	5.292,20
51 – 84	5.477,70	4.225,00	51 – 84	5.696,10	4.641,80

Caipirinha da ESALQ			Carijó Barbado		
Modelo			Modelo		
Intervalo (Dias)	Legendre 3	Legendre 4	Intervalo (Dias)	Legendre 3	Legendre 4
1 – 4	0,0010	0,15683	1 - 4	0,0010	0,2199
5 – 13	68,65	27,99	5 -13	131,72	58,57
14 – 30	507,83	424,28	14 - 30	470,07	585,03
31 – 50	5.117,90	4.443,10	31 -50	3.817,20	3.002,30
51 – 84	4.480,60	4.203,20	51 – 84	4.666,50	3.676,60

Comparando-se os modelos, constatou-se que os valores de $-2\log(L)$, AIC e BIC, para características de peso vivo, são menores para os polinômios de 3ª ordem, para todas as linhagens. Portanto, os modelos que melhor se ajustaram para características de crescimento foram os polinômios de 3ª ordem da escala de Legendre, tanto para os efeitos fixos como aleatórios.

As variâncias genéticas aditivas diretas estimadas nos modelos Lg3 para as características de peso vivo variaram de acordo com as linhagens estudadas: 7P (14,30 a 36.651,90), RÃO (10,47 a 38.047,10), INHA (11,80 a 48.561,30) e JÓ (12,18 a 17.189,58). Para a variância de ambiente permanente do animal as estimativas foram: 7P (1,05 a 71.268,80), RÃO (0,04 a 126.038,41), INHA (1,14 a 107607,5) e JÓ (0,52 a 88.774,45). Para a variância fenotípica as estimativas para as linhagens foram 7P(15,37 a 113.398,34), RÃO (10,51 a 169.781,57), INHA (12,94 a 160.649,50) e JÓ(12,70a 110.630,50) (Figura 1).

Figura 1 – Estimativas das variâncias genética aditiva direta (— —), de ambiente permanente do animal (.....) e fenotípica (——) para as características de peso vivo pelo ajuste do polinômio de Legendre de ordem 3 (Lg3) para as linhagens 7P (1), Caipirão da ESALQ (2), Caipirinha da ESALQ (3) e Carijó Barbado (4)

No modelo Lg4 as variâncias genéticas aditivas estimadas para as características de peso vivo variaram de 10,19 a 15.775,92; 8,44 a 12.086,89; 11,20 a 15.798,60; 11,64 a 5.729,72 para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, respectivamente. Para a variância de ambiente permanente do animal as estimativas foram de 0,26 a 40.454,51; 1,88 a 45.671,10; 0,98 a 26.175,70 e de 0,84 a 41.004,19. As variâncias fenotípicas encontraram-se nos intervalos de 13,41 a 60.397,97; 10,33 a 62.135,95; 12,34 a 51.632,20; 12,71 a 50.410,52; para as linhagens 7P, Rão, Inha e Jó, respectivamente (Figura 2).

Figura 2 - Estimativas das variâncias genética aditiva direta (— —), de ambiente permanente do animal (.....) e fenotípica (————) para as características de peso vivo pelo ajuste do polinômio de Legendre de ordem 4 (Lg4) para as linhagens 7P (1), Caipirão da ESALQ (2), Caipirinha da ESALQ (3) e Carijó Barbado (4)

De maneira geral, quando comparamos os modelos Lg3 e Lg4 verificamos, que Lg3 apresentou maior variância genética aditiva direta, de efeito permanente de ambiente do animal e fenotípica, cerca de três vezes maior do que o modelo Lg4, para todas as linhagens estudadas. Outra peculiaridade foi que o modelo Lg3 apresentou aumento exponencial, para as variâncias com o passar da idade até os 84 dias, estas aumentaram gradativamente com o tempo em todas as linhagens até os 84 dias de idade. Para as estimativas de variância fenotípica, no geral, aumentaram progressivamente com o passar do tempo para cada uma das linhagens. Para esta variância percebe-se que há aumentos acentuados em certos pontos do gráfico ao decorrer da curva de crescimento dentro de cada

linhagem, isto se deve ao ajuste da variância residual para cada intervalo de idade.

Enquanto que para o modelo Lg4, para a linhagem 7P e RÃO, a variância genética aditiva direta aumentou progressivamente até os 69 dias de idade, para a linhagem 7P, e 64 dias de idade para a linhagem RÃO, após esses períodos a variância diminuíram progressivamente para ambas as linhagens. O mesmo aconteceu para a variância de ambiente permanente do animal, a partir das idades 71 e 68 para as linhagens 7P e RÃO, respectivamente. Para as linhagens INHA e JÓ no modelo Lg4 a variância de ambiente permanente do animal aumentou com a idade das aves. No entanto, a variância genética aditiva direta passou a diminuir a partir dos 65 dias de idade para INHA, e 66 dias de idade para JÓ. Tais diferenças no comportamento dessas curvas podem ser devido à variabilidade genética entre essas linhagens, e os ajustes da variância residual para cada classe de idade, que foram distintas para cada linhagem estudada.

A variância fenotípica para os modelos Lg4, para as linhagens 7P e RÃO, estas aumentaram gradativamente até os 70 e 68 dias de idade, respectivamente. A variância fenotípica, para as linhagens INHA e JÓ, aumentou com a idade destas aves. Observa-se que em alguns pontos há uma elevação abrupta desta variância, a qual é consequência do ajuste da variância residual em diferentes intervalos de idade.

Para os MRA ajustados por Lg3 para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ as herdabilidades encontradas variaram entre 0,12 a 0,93; 0,22 a 1,00; 0,30 a 0,91 e de 0,16 a 0,96, respectivamente, entre as idades estudadas de 1 a 84 dias de idade. Para os modelos ajustados pelos polinômios de Legendre de ordem 4 (Lg4) para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ, as herdabilidades encontradas variaram entre 0,12 a 0,76; 0,17 a 0,82; 0,17 a 0,91 e de 0,11 a 0,92, respectivamente, para o período de 1 a 84 dias. As herdabilidades estimadas para os modelos ajustados por Lg3 e Lg4 para as linhagens estudadas estão ilustrados na Figura 3.

Figura 3 - Estimativas de herdabilidades no decorrer do tempo (dias) para as linhagem 7P, Caipirão da ESALQ (RÃO), Caipirinha da ESALQ (INHA) e Carijó Barbado (JÓ) para os modelos ajustados pelo polinômio de Legendre de ordem 3 (—) e 4 (---)

Não foram encontradas na literatura informações referentes à estimação de parâmetros genéticos utilizando-se a regressão aleatória para frangos. As herdabilidades utilizadas neste projeto, para comparação de resultados, são estimativas obtidas pelo Método dos Quadrados Mínimos (correlações entre meio-irmãos paternos, correlações entre meio-irmão maternos e correlações entre irmãos completos) e pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) sob Modelo Animal. As herdabilidades pontuais estão descritas na Tabela 10.

Tabela 10 – Herdabilidades para as características pontuais das linhagens estudadas para os Polinômios de Legende de ordem 3(Lg3) e 4 (Lg4)

Idade	Lg3				Lg4			
	7P	RÃO	INHA	JÓ	7P	RÃO	INHA	JÓ
PN	0,93	1,00	0,91	0,96	0,76	0,82	0,91	0,92
P7	0,31	0,34	0,54	0,31	0,38	0,31	0,54	0,44
P21	0,20	0,38	0,50	0,33	0,22	0,25	0,48	0,33
P28	0,26	0,39	0,50	0,33	0,26	0,27	0,49	0,32
P35	0,18	0,27	0,32	0,21	0,22	0,21	0,35	0,24
P42	0,22	0,28	0,35	0,22	0,24	0,22	0,38	0,24
P56	0,31	0,27	-	0,20	0,27	0,21	-	0,21
P63	0,32	0,26	0,34	0,18	0,27	0,20	0,35	0,20
P70	0,32	0,25	0,32	0,17	0,26	0,19	0,31	0,18
P77	0,32	0,24	0,31	0,16	0,25	0,17	0,25	0,15
P84	0,32	0,22	0,30	0,16	0,24	0,17	0,17	0,11

As herdabilidades encontradas para o peso vivo ao PN foram altas, nas quatro linhagens estudadas, variaram entre 0,91 a 1,00 e 0,76 a 0,92, para os modelos Lg3 e Lg4, respectivamente. Estes valores são semelhantes aos encontrados por Ledur et al. (1992) e Druyan et al. (2007) que encontraram herdabilidades altas 0,94 e 0,65, respectivamente. Enquanto, que Norris e Ngambi (2006) encontraram herdabilidades de 0,36, e Manjeli et al. (2003) estimou herdabilidades que variaram entre 0,31 a 0,46. Entretanto, Prado-Gonzáles et al. (2007) encontrou herdabilidade para PN de 0,15.

Para P7 herdabilidades altas foram encontradas, variando de 0,31 a 0,55, para Lg3, e de 0,31 a 0,54, para Lg4, para as quatro linhagens de frango caipira. Esses resultados corroboram ao encontrado por Druyan et al. (2007) e Pértile (2011) que encontraram herdabilidades de 0,56 e 0,64, respectivamente.

As herdabilidades estimadas para P21 foram de moderadas a altas, para o modelo Lg3 variaram entre 0,20 a 0,50, e para o modelos Lg4 variaram entre 0,22 a 0,48, para as linhagens 7P, RÃO, INHA e JÓ. Resultado acima destes intervalos foram encontrados por Druyan et al. (2007) aos 19 dias de idade (0,63).

As estimativas de herdabilidades encontrada para P28, para os modelos Lg3 e Lg4 foram entre 0,26 a 0,50 e de 0,26 a 0,49, respectivamente, para as quatro linhagens estudadas. Estimativas parecidas foram encontradas para essa característica: 0,20 (PRADO-GONZÁLES et al., 2003) e 0,25 (NORRIS; NGAMBI, 2006), 0,35 a 0,48 (MANJELI et al., 2003) e 0,34 a 0,56 (LEDUR et al., 1992).

As herdabilidades encontradas para as quatro linhagens para P35 para os modelos Lg3 e Lg4 foram entre 0,18 a 0,32 e de 0,21 a 0,35, respectivamente. Estes resultados são semelhantes aos encontrados por Ledur et al. (1992), que encontrou herdabilidades que variaram entre 0,28 a 0,63, e Lopes e Quaas (1997) e Zerehdaran et al. (2004), que encontraram herdabilidades de 0,43 e 0,44, respectivamente, para os 35 dias de idade.

Para P42 as herdabilidades obtidas para as linhagens estudadas, para os modelos Lg3 e Lg4 foram entre 0,22 a 0,35 e de 0,22 a 0,38, respectivamente. Na literatura os resultados encontrado para essa idade foram de moderadas a altas, 0,26 (GAYA et al., 2006), 0,52 (RANCE et al., 2002), 0,23 (PÉRTILE, 2011), 0,37 (VAYEGO et al., 2008) e 0,35 (LE BIHAN-DUVAL et al., 2001). Outros autores encontraram valores que variaram entre 0,39 a 0,46 (LE BIHAN-DUVAL et al., 1998), de 0,27 a 0,56 (LEDUR et al., 1992), de 0,26 a 0,55 (LEDUR et al., 1994) e de 0,22 a 0,37 (LEENSTRA; PIT, 1988).

As herdabilidades encontradas para as linhagens 7P, RÃO e JÓ para P56, para os modelos Lg3 e Lg4 foram entre 0,20 a 0,31 e de 0,21 a 0,27, respectivamente. Os seguintes autores encontraram para essa idade herdabilidades que variaram de moderadas a altas, 0,21 (PRADO-GONZÁLES et al., 2003), 0,41 (LWELAMIRA et al., 2009), 0,39 a 0,45 (MIGNON-GRASTEAU et al., 1999).

Para as análises da característica P63, os valores estimados para as herdabilidades, dos modelos Lg3 e Lg4, variaram entre 0,18 a 0,34 e 0,20 a 0,35, respectivamente, para as linhagens estudadas. Essas estimativas foram abaixo da encontrada por Cahaner e Nitsan (1985), com magnitude de 0,55.

As estimativas de herdabilidades encontradas para as linhagens estudadas para P70 variaram de moderadas a altas, entre 0,17 a 0,32 e de 0,15 a 0,25, respectivamente, para os modelos Lg3 e Lg4. Esses valores estão abaixo da estimativa de herdabilidade encontrada por Norris e Ngambi (2006), de 0,41.

Os valores estimados para a característica P77 variaram entre 0,16 a 0,32, para o modelo Lg3, e de 0,15 a 0,25, para o modelo Lg4, para as quatro linhagens deste experimento. Estimativas que corroboram com as encontradas por Larivière et al. (2009), os quais encontraram herdabilidades entre 0,29 a 0,32, para esta idade.

Para o peso aos 84 dias de idade as herdabilidades estimadas para os modelos Lg3 e Lg4 foram, respectivamente, entre 0,16 e 0,32, e entre 0,11 e 0,24, para as linhagens estudadas. Prado-González et al. (2003) encontraram estimativas próximas aos resultados deste estudo, de 0,13. Entretanto, outros autores encontraram superiores aos deste estudo, Manjeli et al. (2003), também estudando linhagens caipiras, encontrou herdabilidades altas, entre 0,35 a 0,59, Lwelamira et al. (2009) encontraram herdabilidade alta de 0,45.

As herdabilidades estimadas para os modelos Lg3 e Lg4, seguiram tendências similares dentro de cada linhagem e suas respectivas classes (Figuras 15, 16, 17 e 18). De maneira geral, o efeito genético relacionado é maior em idades mais jovens destas quatro linhagens, diminuindo progressivamente com o passar do tempo. Tendo o ambiente grande influência sobre o crescimento em idades mais avançadas devido ao aumento da variância de efeito de ambiente permanente do animal.

Em geral, as herdabilidades estimadas para as idades de 1 a 84 dias variaram entre moderadas a altas para as linhagens estudadas. Estas estimativas indicam que as características de peso vivo parecem ser capazes de apresentar boa resposta à seleção. Portanto, o peso aos 42 dias (P42), padrão utilizado tradicionalmente no programa “Frango Feliz” no processo seletivo, pode ser mantido como critério de seleção.

6.4 Conclusões

Dentre os modelos estudados o polinômio de Legendre 3ª ordem foi o que melhor se adequou para descrever as curvas de crescimento das linhagens estudadas. As estimativas de variâncias, herdabilidades foram afetadas pela modelagem da variância residual.

O efeito genético relacionado é maior em idades mais jovens destas quatro linhagens, diminuindo progressivamente com o passar do tempo. Tendo o ambiente grande influência sobre o crescimento em idades mais avançadas devido ao aumento da variância de efeito ambiente permanente.

No geral as herdabilidades estimadas para as idades de 1 a 84 dias variaram de moderadas a altas para as linhagens estudadas, indicando que

qualquer idade pode ser utilizada como critério de seleção. A seleção aos 42 dias de idade pode ser mantida como critério de seleção.

Referências

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.P.; SOUSA, M.F.; LEITE, C.D.S.; SILVA, L.P.; CAETANO, G.C. Heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória na descrição do crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa, v. 40, n. 10, p. 2129-2134, 2011.

CAHANER, A.; NITSAN, Z. Evaluation of simultaneous selection for live body weight and against abdominal fat in broilers. **Poultry Science**, Savoy, v. 64, p. 1257-1263, 1985.

COELHO, A.A.D.; SAVINO, V.J.M.; ROSÁRIO, M. F. **Frango feliz: caminhos para a avicultura alternativa**. Piracicaba: FEALQ, 2008. 88 p.

DRUYAN, S.; SHLOSBERG, A.; CAHANER, A. Evaluation of growth rate, body weight, heart rate, and blood parameters as potential indicators for selection against susceptibility to the ascites syndrome in young broilers. **Poultry Science**, Savoy, v. 86, p. 621-629, 2007.

EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. Utilização de modelos de regressão aleatória para produção de leite no dia de controle, com diferentes estruturas de variâncias residuais. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 5, p. 1104-1113. 2003.

FREITAS, A.R. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 786-795, 2005.

GAYA, L.G.; FERRAZ, J.B.S.; REZENDE, F.M.; MOURÃO, G. B.; MATTOS, E.C.; ELER, J.P.; MICHELAN FILHO, T. Heritability and genetic correlation estimates for performance and carcass and body composition traits in a male broiler line. **Poultry Science**, Savoy, v. 85, p. 837-843, 2006.

HENDERSON Jr., C.R. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous and random regression. **Biometrics**, Washington, v. 38, p. 633-640, 1982.

JAMROZIK, J.; SCHAEFFER, L.R. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v. 80, p. 762-770, 1997.

KIRKPATRICK, M.; HECKMAN, N. A quantitative genetic model for growth, shape, and other infinite-dimensional characters. **Journal of Mathematical Biology**, New York, v. 27, p. 429-450, 1989.

KIRKPATRICK, M.; LOFSVOLD, D.; BULMER, M. Analysis of inheritance, selection and evolution of growth trajectories. **Genetics**, Austin, v. 124, p. 979-993, 1990.

LARIVIÈRE, J.M.; MICHAUX, C.; VERLEYEN, V.; LEROY, P. Heritability estimate and response to selection for body weight in the Ardennaise chicken breed. **International Journal of Poultry Science**, Pakistan, v. 8, p. 10, p. 952-956, 2009.

LE BIHAN-DUVAL, E.; BERRI, C.; BAEZA, E.; MILLET, N.; BEAUMONT, C. Genetic analysis of a selection experiment on increased body weight and breast muscle weight as well as on limited abdominal fat weight. **British Poultry Science**, Colchester, v. 39, p. 346-353, 1998.

_____. Estimation of the genetic parameters of meat characteristics and their genetic correlations with grow and body composition in a experimental broiler line. **Poultry Science**, Savoy, v. 80, p. 839-843, 2001.

LEDUR, M.C.; SCHMIDT, G.S.; AVILA, V.S.; FIGUEIREDO, E.A.P.; MUNARI, D.P. Parâmetros genéticos e fenotípicos para peso corporal em diferentes idades em linhagens de frango de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 21, n. 4, p. 667-673, 1992.

LEDUR, M.C.; SCHMIDT, G.S.; FIGUEIREDO, E.A.P.; AVILA, V.S.; FIORENTIN, L. Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de aves selecionadas para corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 3, p. 503-508, 1994.

LEENSTRA, F.R.; PIT, R. Fat deposition in a broiler sire line: Heritability of and genetic correlations among body weight, abdominal fat, and feed conversion. **Poultry Science**, Savoy, v. 67, p. 1-9, 1988.

LEWIS, R.M.; BROTHERSTONE, S. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. **Animal Science Journal**, Edinburgh, v. 74, p. 63-70, 2002.

LIU, Y.X.; ZHANG, J.; SCHAEFFER, L.R.; YANG, R.Q.; ZHANG, W.L. Short communication: Optimal random regression models for milk production in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v. 89, p. 2233-2235, 2006.

LOPES, P.S.; QUAAS, R.L. Estimação de parâmetros genéticos em aves de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 6, p. 1119-1123, 1997.

LWELAMIRA, J. Phenotypic and genetic parameters for body weights and antibody response against Newcastle disease virus (NDV) vaccine for Kuchi chicken ecotype of Tanzania under extensive management. **Tropical Animal Health and Production**, Edinburgh, v. 11, n. 2, p. 96-102, 2012.

LWELAMIRA, J.; KIFARO, G.C.; GWAKISA, P.S. Genetic parameters for body weights, egg traits and antibody response against Newcastle Disease Virus (NDV) vaccine among two Tanzania chicken ecotypes. **Tropical Animal Health and Production**, Dordrecht, v. 41, p. 51-59, 2009.

MANJELI, Y.; TCHOUMBOUE, J.; TEGUIA, A. Heritability of body weights in local chickens of Cameroon. **Journal of the Cameroon Academy of Sciences**, Buea, v. 3, n. 2, p. 75-80, 2003.

MEYER, K. Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 30, p. 221-249, 1998.

_____. Random regression to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 65, p. 19-38, 2000.

_____. WOMBAT: digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, 1 CD-ROM.

MEYER, K.; HILL, W.G. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or "repeated" records by restricted maximum likelihood. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 47, p. 185-200, 1997.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C.; LE BIHAN-DUVAL, E.; POIVEY, J.P.; ROCHAMBEAU, H.; RICARD, F.H. Genetic parameters of growth curve parameters in male and female chickens. **British Poultry Science**, Colchester, v. 40, p. 44-51, 1999.

NORRIS, D.; NGAMBI, J.W. Genetic parameter estimates for body weight in local Venda chickens. **Tropical Animal Health and Production**, Edinburgh, v. 38, p. 605-609, 2006.

PÉRTILE, S.F.N. **Parâmetros genéticos para defeitos de pernas, características de desempenho e carcaça em frangos de corte**. 2011. 92 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

PRADO-GONZÁLEZ, E.A.; RAMÍREZ-AVILA, L.; SEGURA-CORREA, J.C. Genetic parameters for body weights of Creole chickens from Southeastern Mexico using an animal model. **Livestock Research for Rural Development**, Cali, v. 15, n. 1, 2003. Disponível em: <<http://www.lrrd.cipav.org.co/lrrd15/1/prad151.htm>>. Acesso em: 08 abr. 2012.

RANCE, K.A.; MCENTEE, G.M.; MCDEVITT, R.M. Genetic and phenotypic relationships between and within support and demand tissues in a single line of broiler chicken. **British Poultry Science**, Colchester, v. 43, p. 518-527, 2002.

ROSTAGNO, H.S.; ALBINO, L.F.T.; DONZELE J.L. et al. **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais.** Viçosa, MG: UFV, Departamento de Zootecnia, 2005. p.186.

SAVINO, V.J.M.; COELHO, A.A.D.; ROSÁRIO, M.F.; SILVA, M.A.N. Avaliação de materiais genéticos visando à produção de frango caipira em diferentes sistemas de alimentação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 3, p. 578-583, 2007.

SCHAEFFER, L.R. Application of random regression models in animal breeding. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 86, p. 34-35, 2004.

VAYEGO, S.A.; DIONELLO, N.J.L.; FIGUEIREDO, E.A.P. Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagem paterna de frangos de corte sob seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1230-1235, 2008.

ZEREHDARAN, S.; VEREIJKEN, A.L.J.; VAN ARENDONK, A.M.; VAN DER WAAIJ, E.H. Estimation of genetic parameters for fat deposition and carcass traits in broilers. **Poultry Science**, Savoy, v. 83, p. 521-525, 2004.